



PF 39-8

(19) BUNDESREPUBLIK

DEUTSCHLAND

DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENÄMT

(12) Offenlegungsschrift

(10) DE 198 17 946 A 1

(51) Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00

C 07 K 14/435

A 61 K 38/17

C 07 H 21/04

- (21) Aktenzeichen: 198 17 946.4
(22) Anmeldetag: 17. 4. 98
(43) Offenlegungstag: 21. 10. 99

(71) Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

(74) Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

(72) Erfinder:

Rosenthal, Andre, Prof., Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

(54) Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterus-Normalgewebe

(57) Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 946 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

5 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

10 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

15 Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

20 25 30 35 40 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

45 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20.
- b) eine allelische Variante der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

50 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No. 1-20 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

55 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1-20 hybridisieren.

60 Die erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfundungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 1-20 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfundungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, IacZ, T3, T7, gpt,

lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden.
Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID No. 63-117.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID No. 63-117 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Antikörper aus Phage-Displays zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID No. 63-117 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 63-117 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank,
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung,
5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung,
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben,
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern,
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern,
10 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Er-
findung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extra-
hiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per
read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen
20 (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs
der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons
der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Se-
quenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle
übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und



DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0275	0.0771 12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336 0.1485	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0028		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0108		
Nebenniere	0.0254		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0061		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0272		
Eierstock_n	0.1595		
Eierstock_t	0.0253		
Endokrines_Gewebe	0.0979		55
Foetal	0.0070		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0162		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0000		60
Nerven	0.0050		
Prostata	0.0137		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0167		65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
	Brust 0.0128	0.0075	1.7013 0.5878
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0031	1.9199 0.5209
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0265	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0020	3.0482 0.3281
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000 undef
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0043	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0068	6.7336 0.1485
25	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0534		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0026	1.5254 0.6555	5
Brust	0.0115	0.0094	1.2250 0.8164	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269 0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273 3.0557	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0148	0.0275	0.5397 1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0125	0.0041	3.0482 0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142 4.6693	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	20
Penis	0.0269	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO.:3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
 FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0090	0.0075	1.1909 0.8397
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0130	0.9210 1.0858
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0100	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0089	0.0041	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0085	0.0275	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0093	0.0041	2.2862 0.4374
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere 0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0085	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0110
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N	
Blase	0.0273	0.0128	2.1356	0.4682	5
Brust	0.0320	0.0188	1.7013	0.5878	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413	
Gastrointestinal	0.0287	0.0046	6.2125	0.1610	10
Gehirn	0.0037	0.0082	0.4500	2.2223	
Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673	
Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566	
Pankreas	0.0099	0.0497	0.1994	5.0142	20
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0218	0.0234	0.9306	1.0746	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				
 FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0250				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0036				
Lunge	0.0434				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				
Placenta	0.0303				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0884				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0557				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0157				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0328				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0115	0.0169	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0026	3.4538 0.2895
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981 0.5889
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0113	0.4582 2.1827
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0115	0.0351	0.3280 3.0489
	Lunge 0.0042	0.0123	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0205	0.2643 3.7829
20	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060 0.5862
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0306	0.0954	0.3202 3.1226
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0111
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0410
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0026	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0067	0.0082	0.8100 1.2346	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693 5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534 18.7357	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0028		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0079		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0061		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0136		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0203		
Endokrines_Gewebe	0.0245		55
Foetal	0.0041		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0114		
Haut-Muskel	0.0097		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0082		60
Nerven	0.0030		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0083		65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0025	4.7547 0.2103
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0044	0.0010	4.3198 0.2315
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0052	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0051	1.5254 0.6555	S
Brust	0.0051	0.0094	0.5444 1.8368	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399 0.6945	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803 0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0070			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0077	1.5254 0.6555
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0044	0.0041	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0031	0.0082	0.3810 2.6245
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0205	0.2643 3.7829
20	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060 0.5862
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221 0.3674	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0032	0.0275	0.1156 8.6471	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0040	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0017			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0102	0.0094	1.0888 0.9184
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0052	1.7269 0.5791
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0201	0.7642 1.3086
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0103	0.0144	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0134	0.0379	0.3529 2.8338
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0053	0.0137	0.3855 2.5941
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0166	0.0123	1.3548 0.7381
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0120	1.2850 0.7782
	Niere 0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
20	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986 2.0057
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0196	0.0234	0.8375 1.1940
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0456
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0140
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0154
60	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0102	0.0150	0.6805 1.4694	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400 1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387 2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388 0.1401	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			60
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0026	0.0056	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0050	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0067	0.0072	0.9257 1.0803
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0085	1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0076
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0208

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0546	0.0281	1.9415 0.5151	5
Brust	0.0397	0.0169	2.3440 0.4266	
Duenndarm	0.0399	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0599	0.0312	1.9188 0.5212	
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0226	2.1132 0.4732	10
Gastrointestinal	0.0134	0.0416	0.3221 3.1043	
Gehirn	0.0163	0.0205	0.7920 1.2627	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000 undef	
Herz	0.0159	0.0412	0.3855 2.5941	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775	15
Lunge	0.0114	0.0225	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151 3.1733	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0360	0.3807 2.6265	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0149	0.0497	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0449	0.0800	0.5616 1.7807	
Prostata	0.0305	0.0405	0.7543 1.3258	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0480			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0801			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			30
Zervix	0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0639		
Gehirn	0.0250		
Haematopoetisch	0.0472		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0071		
Lunge	0.0253		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0556		
Placenta	0.0061		45
Prostata	0.0249		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0068		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0557		
Endokrines_Gewebe	0.0245		55
Foetal	0.0198		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.1253		
Haut-Muskel	0.0745		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0082		60
Nerven	0.0040		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0310		
Uterus_n	0.0291		65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0624	0.0204	3.0509 0.3278	5
Brust	0.0077	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0307	0.0165	1.8537 0.5395	
Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050 0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0536	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412 0.3400	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	20
Penis	0.1198	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0479	0.0277	1.7323 0.5773	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	3.6474 0.2742	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0139		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0118		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0071		
Lunge	0.0000		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0000		45
Prostata	0.0499		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0204		50
Eierstock_n	0.1595		
Eierstock_t	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0064		
Gastrointestinal	0.0488		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0032		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0000		60
Nerven	0.0060		
Prostata	0.0342		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0500		65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust 0.0166	0.0376	0.4423 2.2607
	Duenndarm 0.0399	0.0331	1.2049 0.8299
	Eierstock 0.0270	0.0546	0.4934 2.0268
10	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0075	4.5283 0.2208
	Gastrointestinal 0.0441	0.0278	1.5877 0.6299
	Gehirn 0.0140	0.0288	0.4885 2.0469
	Haematopoetisch 0.0361	0.0758	0.4764 2.0991
	Haut 0.0404	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0244	0.1375	0.1773 5.6394
15	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0447	0.0470	0.9498 1.0528
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0300	0.9138 1.0944
	Niere 0.0516	0.0342	1.5068 0.6637
20	Pankreas 0.0215	0.0221	0.9722 1.0286
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0458	0.0277	1.6535 0.6048
	Uterus_Endometrium 0.0608	0.2111	0.2881 3.4714
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0595		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1006		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0222
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0545
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0151
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389	5
Brust	0.0179	0.0150	1.1909 0.8397	
Duenndarm	0.0215	0.0165	1.2976 0.7707	
Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147 0.4964	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817 3.5496	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.1695	0.1300 7.6946	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0244	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0468	0.1230 8.1305	15
Lunge	0.0145	0.0143	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133 0.5837	
Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603	
Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846 2.6000	20
Penis	0.0269	0.0267	1.0108 0.9893	
Prostata	0.0392	0.0490	0.8011 1.2483	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559 0.1273	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0557		35
Gastrointenstinal	0.0305		
Gehirn	0.0063		
Haematopoetisch	0.0354		
Haut	0.5025		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0285		
Lunge	0.0181		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0371		
Placenta	0.0242		45
Prostata	0.0249		
Sinnesorgane	0.0251		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0272		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0101		
Endokrines_Gewebe	0.0000		
Foetal	0.0099		55
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0082		60
Nerven	0.0020		
Prostata	0.0205		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0000		65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0153	1.5254 0.6555
	Brust 0.0166	0.0395	0.4213 2.3737
	Duenndarm 0.0123	0.0331	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0329	0.0260	1.2664 0.7897
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0050	4.7547 0.2103
	Gastrointestinal 0.0153	0.0185	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0081	0.0144	0.5657 1.7678
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0184	0.0847	0.2166 4.6168
	Hepatisch 0.0476	0.0065	7.3530 0.1360
15	Herz 0.0148	0.0687	0.2159 4.6324
	Hoden 0.0575	0.0234	2.4599 0.4065
	Lunge 0.0270	0.0041	6.6045 0.1514
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0307	1.5757 0.6347
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0240	0.2142 4.6693
	Niere 0.0217	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0706		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0269		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAKIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0911
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0153	0.2542 3.9333	5
Brust	0.0115	0.0169	0.6805 1.4694	
Duenndarm	0.0153	0.0165	0.9268 1.0789	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350 0.6515	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705 2.6991	
Gastrointestinal	0.0249	0.0093	2.6921 0.3715	10
Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499 0.7408	
Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706 0.6800	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0403	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0123	0.8467 1.1810	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0060	0.0533	0.1123 8.9035	
Prostata	0.0044	0.0192	0.2275 4.3961	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0650			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0222			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.1014			
Niere	0.0494			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0544			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0280			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0389			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0217	0.0094	2.3138 0.4322
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0026	4.6050 0.2172
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal 0.0172	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0111	0.0082	1.3499 0.7408
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0312	0.0123	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0060	2.8555 0.3502
20	Niere 0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0221	0.1496 6.6857
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0106	1.2284 0.8141
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0612
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0087
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0585	0.0613	0.9534 1.0489	5
Brust	0.0307	0.0789	0.3889 2.5715	
Duenndarm	0.0399	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157 0.7600	
Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423 1.1873	
Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401 1.5623	10
Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071 1.4142	
Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434 1.5543	
Herz	0.0477	0.0825	0.5782 1.7294	
Hoden	0.0518	0.0585	0.8856 1.1292	15
Lunge	0.0602	0.0368	1.6370 0.6109	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0613	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564 0.7373	
Niere	0.0299	0.0479	0.6231 1.6049	
Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113 2.4312	20
Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0436	0.0660	0.6604 1.5142	
Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622 6.1662	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934 0.3713	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0416			
Prostata-Hyperplasie	0.0535			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			30
Zervix	0.0319			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0417			35
Gastrointenstinal	0.0611			
Gehirn	0.0688			
Haematopoetisch	0.0551			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0289			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0556			
Placenta	0.1272			45
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0612			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0354			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0786			55
Gastrointestinal	0.0732			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0778			
Hoden	0.1080			
Lunge	0.0164			60
Nerven	0.0402			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0387			
Uterus_n	0.0458			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.1560	0.0460	3.3899 0.2950
	Brust 0.1113	0.0414	2.6912 0.3716
	Duenndarm 0.0491	0.0165	2.9659 0.3372
	Eierstock 0.0629	0.0416	1.5110 0.6618
10	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0527	0.6469 1.5458
	Gastrointestinal 0.0824	0.0139	5.9364 0.1685
	Gehirn 0.0140	0.0585	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.1689	0.0847	1.9927 0.5018
	Hepatisch 0.0904	0.0259	3.4927 0.2863
	Herz 0.0233	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0288	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0592	0.0286	2.0684 0.4835
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3151 3.1733
	Muskel-Skelett 0.0891	0.1080	0.8249 1.2122
	Niere 0.0407	0.0137	2.9739 0.3363
20	Pankreas 0.0248	0.0166	1.4957 0.6686
	Penis 0.0629	0.0267	2.3586 0.4240
	Prostata 0.1700	0.0873	1.9474 0.5135
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0528	0.3841 2.6035
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0639		
	Prostata-Hyperplasie 0.1040		
	Samenblase 0.0623		
	Sinnesorgane 0.1059		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.2150		
	Zervix 0.2555		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0361
	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0424
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0408
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0608
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0154
60	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0181
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0774
	Uterus_n 0.0125
65	

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0741	0.0665	1.1147 0.8971	5
Brust	0.0384	0.0376	1.0208 0.9796	
Duenndarm	0.0307	0.0662	0.4634 2.1579	
Eierstock	0.0389	0.0182	2.1380 0.4677	
Endokrines_Gewebe	0.0715	0.0978	0.7315 1.3671	
Gastrointestinal	0.0268	0.0139	1.9328 0.5174	10
Gehirn	0.1878	0.2331	0.8056 1.2413	
Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352 1.5743	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0761	0.0776	0.9804 1.0200	
Herz	0.0212	0.2474	0.0857 11.6735	
Hoden	0.1496	0.0351	4.2638 0.2345	15
Lunge	0.0229	0.0204	1.1177 0.8947	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807 0.5950	
Muskel-Skelett	0.1370	0.0600	2.2844 0.4378	
Niere	0.0299	0.0274	1.0904 0.9171	
Pankreas	0.0297	0.0166	1.7949 0.5571	20
Penis	0.0569	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0588	0.0447	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1525	0.0204	7.4818 0.1337	
Uterus_allgemein	0.0407	0.1908	0.2135 4.6839	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0268			
Samenblase	0.2314			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0745			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointestinal	0.0417			
Gehirn	0.0313			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0181			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0371			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0816			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.2025			
Endokrines_Gewebe	0.0979			
Foetal	0.0361			55
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0653			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0542			
Uterus_n	0.0208			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0537	0.5085 1.9666
	Brust 0.0256	0.0376	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0337	0.0496	0.6797 1.4713
	Eierstock 0.0180	0.0208	0.8634 1.1582
10	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0276	0.8027 1.2457
	Gastrointestinal 0.0230	0.0139	1.6567 0.6036
	Gehirn 0.0214	0.0349	0.6141 1.6284
	Haematopoetisch 0.0374	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0453	0.0000 undef
	Herz 0.0477	0.0412	1.1565 0.8647
15	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge 0.0229	0.0143	1.5967 0.6263
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8404 1.1900
	Muskel-Skelett 0.0308	0.0360	0.8567 1.1673
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
20	Pankreas 0.0231	0.0994	0.2327 4.2979
	Penis 0.0180	0.0533	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0610	0.0873	0.6991 1.4305
	Uterus_Endometrium 0.0878	0.2111	0.4161 2.4032
	Uterus_Myometrium 0.0838	0.0272	3.0862 0.3240
25	Uterus_allgemein 0.0560	0.0954	0.5871 1.7032
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0445		
	Sinnesorgane 0.0941		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0583
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0667
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.1497
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.1418
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0210
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0648
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0100
	Prostata 0.0547
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0333

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0819	0.1840	0.4449 2.2476	5
Brust	0.0921	0.0846	1.0888 0.9184	
Duenndarm	0.1380	0.0496	2.7805 0.3596	
Eierstock	0.0419	0.0937	0.4477 2.2336	
Endokrines_Gewebe	0.0613	0.0301	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.1092	0.0694	1.5738 0.6354	10
Gehirn	0.0554	0.1910	0.2903 3.4446	
Haematopoetisch	0.1911	0.3030	0.6308 1.5853	
Haut	0.1065	0.2542	0.4188 2.3880	
Hepatisch	0.0523	0.0776	0.6740 1.4836	
Herz	0.0244	0.1649	0.1478 6.7673	
Hoden	0.0633	0.0819	0.7731 1.2935	15
Lunge	0.2846	0.1718	1.6572 0.6034	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.4140	0.0700 14.2797	
Muskel-Skelett	0.2330	0.1020	2.2844 0.4378	
Niere	0.0570	0.1232	0.4626 2.1617	
Pankreas	0.0380	0.2816	0.1349 7.4124	20
Penis	0.0299	0.3466	0.0864 11.5745	
Prostata	0.0676	0.0468	1.4424 0.6933	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.1055	0.5761 1.7357	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0713			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.1529			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2229			30
Zervix	0.0319			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0278			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.1376			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0145			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0545			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.4354			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	1.1088			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0344			
Gastrointestinal	0.0732			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0655			
Nerven	0.0221			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.1703			
Uterus_n	0.0167			65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.0077	5.5933 0.1788
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838 2.6058
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0172	0.0046	3.7275 0.2683
	Gehirn 0.0007	0.0051	0.1440 6.9448
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0085	0.0137	0.6168 1.6213
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0991	0.0136	7.2947 0.1371
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0145
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0250

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153 1.0926	5
Brust	0.0115	0.0075	1.5312 0.6531	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563 0.1737	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307 1.2038	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0042	0.0550	0.0771 12.9706	15
Hoden	0.0288	0.0351	0.8200 1.2196	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781 0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139 1.4008	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0170	0.8957 1.1165	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
Zervix	0.0106			
 FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0194			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0217			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0242			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0340			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0658			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0076			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0232			
Uterus_n	0.0291			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0858	0.0844	1.0170 0.9833
	Brust 0.0972	0.1053	0.9236 1.0828
	Duenndarm 0.0766	0.0496	1.5447 0.6474
	Eierstock 0.1677	0.0676	2.4796 0.4033
10	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0602	0.8774 1.1398
	Gastrointestinal 0.0843	0.1573	0.5360 1.8657
	Gehirn 0.0791	0.1171	0.6758 1.4798
	Haematopoetisch 0.1043	0.0758	1.3762 0.7266
	Haut 0.0734	0.0847	0.8664 1.1542
	Hepatisch 0.0285	0.1423	0.2005 4.9866
15	Herz 0.0774	0.0550	1.4070 0.7107
	Hoden 0.0460	0.1286	0.3578 2.7949
	Lunge 0.0582	0.0634	0.9177 1.0896
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0920	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett 0.0702	0.1500	0.4683 2.1354
20	Niere 0.0380	0.1232	0.3084 3.2425
	Pankreas 0.0578	0.1988	0.2908 3.4383
	Penis 0.0419	0.0533	0.7862 1.2719
	Prostata 0.1351	0.1277	1.0577 0.9454
	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.1525	0.0679	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.1579	0.1908	0.8273 1.2088
	Brust-Hyperplasie 0.0767		
	Prostata-Hyperplasie 0.1367		
	Samenblase 0.1157		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0850		
	Zervix 0.0958		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.1138
	Gehirn 0.1439
	Haematopoetisch 0.0472
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0569
	Lunge 0.0939
	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.1112
45	Placenta 0.0667
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0211
	Prostata 0.0889
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178	5
Brust	0.0230	0.0150	1.5312 0.6531	
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245 2.3555	
Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304 4.3405	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412 0.3400	
Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0230	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0229	0.0286	0.7983 1.2526	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422 0.8755	
Niere	0.0109	0.0411	0.2643 3.7829	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0213	1.5354 0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0416			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1119			30
Zervix	0.0319			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0520			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0217			
Nebenniere	0.1268			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0146			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			60
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0929			
Uterus_n	0.0250			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0067	0.0051	1.2959 0.7716
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0156	0.0383	0.4068 2.4583	5
Brust	0.0563	0.0226	2.4953 0.4008	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663 0.0668	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057 1.1042	
Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779 0.4390	10
Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900 1.4494	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0661	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0170	0.0137	1.2336 0.8107	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0197	0.0102	1.9305 0.5180	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0163	0.0342	0.4758 2.1016	
Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487 2.2286	20
Penis	0.0629	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0501	0.0192	2.6159 0.3823	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0623			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0000		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0000		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0136		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0051		
Endokrines_Gewebe	0.0245		55
Foetal	0.0006		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0154		
Lunge	0.0000		60
Nerven	0.0030		
Prostata	0.0205		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0042		65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0445		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.1418
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0468	0.0690	0.6780 1.4750	5
Brust	0.0153	0.0113	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0245	0.0165	1.4830 0.6743	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303 4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528 2.2083	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.2417	0.1489	1.6236 0.6159	
Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234 0.9772	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0710	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.4430	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0686	0.0470	1.4578 0.6859	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042 1.9833	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282 1.5918	
Niere	0.0299	0.0411	0.7270 1.3756	
Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0269	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.1547	0.0596	2.5956 0.3853	
Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1143	0.0340	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.0611	0.5725	0.1067 9.3678	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.1962			
Samenblase	0.2492			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			30
Zervix	0.2768			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0111			
Gehirn	0.0438			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0667			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0340			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0354			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0309			
Lunge	0.0328			60
Nerven	0.0512			
Prostata	0.0547			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0128	1.5254 0.6555
	Brust 0.0435	0.0244	1.7798 0.5618
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0130	0.9210 1.0858
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0075	1.1321 0.8833
	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0140	0.0092	1.5199 0.6579
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
15	Herz 0.0413	0.0137	3.0068 0.3326
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0145	0.0082	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0180	1.2374 0.8082
20	Niere 0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0218	0.0213	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0838	0.0204	4.1150 0.2430
	Uterus_allgemein 0.0458	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0247
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.2585
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0759
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0163
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0421
60	Hoden 0.0463
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.2168
65	Uterus_n 0.0291

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Nernhern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0546	0.0537	1.0170 0.9833	5
Brust	0.0473	0.0207	2.2890 0.4369	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147 0.4964	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0226	0.5283 1.8928	
Gastrointestinal	0.0211	0.0231	0.9112 1.0975	10
Gehirn	0.0067	0.0246	0.2700 3.7039	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353 1.3600	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	15
Lunge	0.0343	0.0020	16.7651 0.0596	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0420	0.4895 2.0428	
Niere	0.0109	0.0068	1.5861 0.6305	
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957 0.6686	20
Penis	0.0060	0.0267	0.2246 4.4517	
Prostata	0.0458	0.0426	1.0748 0.9304	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.1908	0.0801 12.4905	25
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit		35
Entwicklung	0.0000		
Gastrointenstinal	0.0139		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0118		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0181		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0061		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0502		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		50
Brust	0.0748		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0253		
Endokrines_Gewebe	0.0735		55
Foetal	0.0012		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0171		
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0060		60
Prostata	0.0274		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0153	1.0170 0.9833
	Brust 0.0217	0.0226	0.9641 1.0373
	Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0120	0.0338	0.3542 2.8230
10	Endokrines_Gewebe 0.0273	0.0150	1.8113 0.5521
	Gastrointestinal 0.0192	0.0046	4.1417 0.2414
	Gehirn 0.0155	0.0216	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0107	0.0758	0.1412 7.0845
	Haut 0.0294	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0194	0.4902 2.0400
15	Herz 0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
	Hoden 0.0288	0.0234	1.2299 0.8130
	Lunge 0.0364	0.0143	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0537	1.0805 0.9255
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0180	1.0470 0.9551
20	Niere 0.0217	0.0411	0.5287 1.8915
	Pankreas 0.0099	0.0221	0.4487 2.2286
	Penis 0.0120	0.0533	0.2246 4.4517
	Prostata 0.0349	0.0213	1.6378 0.6106
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0068	6.7336 0.1485
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0357		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0260		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0325
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0618
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0239
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0227
60	Hoden 0.0386
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0131
	Prostata 0.0342
	Sinnesorgane 0.0387
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0179	0.4358 2.2944	5
Brust	0.0115	0.0038	3.0624 0.3265	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487	
Eierstock	0.0060	0.0130	0.4605 2.1715	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038 0.9060	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664 1.0348	10
Gehirn	0.0185	0.0267	0.6923 1.4445	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0117	0.0137	0.8481 1.1791	
Hoden	0.0173	0.0702	0.2460 4.0652	15
Lunge	0.0052	0.0164	0.3175 3.1494	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278 0.7004	
Niere	0.0081	0.0205	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997 10.0285	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0139		35
Gastrointenstinal	0.0111		
Gehirn	0.0125		
Haematopoetisch	0.0236		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0534		
Lunge	0.0145		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0364		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0136		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0557		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0105		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0130		
Hoden	0.0077		
Lunge	0.0164		60
Nerven	0.0080		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0000		65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0128	1.5254 0.6555
	Brust 0.0153	0.0150	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0234	0.8954 1.1168
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0100	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0038	0.0231	0.1657 6.0362
	Gehirn 0.0126	0.0175	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0143	0.0065	2.2059 0.4533
15	Herz 0.0106	0.0137	0.7710 1.2971
	Hoden 0.0288	0.0351	0.8200 1.2196
	Lunge 0.0125	0.0041	3.0482 0.3281
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0120	0.8567 1.1673
20	Niere 0.0163	0.0137	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0066	0.0276	0.2393 4.1785
	Penis 0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata 0.0087	0.0064	1.3648 0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0762	0.0068	11.2227 0.0891
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0506
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0181
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0292
60	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0179	1.7434 0.5736	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750 1.1429	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350 0.6515	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal	0.0134	0.0278	0.4832 2.0695	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760 1.7362	
Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470 4.0483	
Haut	0.0220	0.0847	0.2599 3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0117	0.0412	0.2827 3.5374	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	15
Lunge	0.0052	0.0102	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983 1.6714	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0128	0.6824 1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0139			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0810			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0099			55
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0309			
Lunge	0.0164			60
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0383	0.9153 1.0926
	Brust 0.0499	0.1165	0.4281 2.3360
	Duenndarm 0.0491	0.0331	1.4830 0.6743
	Eierstock 0.0629	0.0728	0.8634 1.1582
10	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0100	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal 0.0383	0.1110	0.3451 2.8974
	Gehirn 0.0347	0.0339	1.0254 0.9752
	Haematopoetisch 0.0401	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0330	0.0847	0.3899 2.5649
	Hepatisch 0.0381	0.0453	0.8403 1.1900
15	Herz 0.0254	0.0550	0.4626 2.1618
	Hoden 0.0748	0.1052	0.7106 1.4072
	Lunge 0.0384	0.0613	0.6266 1.5960
	Magen-Speiseroehre 0.0773	0.0613	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0531	0.0360	1.4753 0.6778
20	Niere 0.0299	0.0753	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0083	0.0828	0.0997 10.0285
	Penis 0.0240	0.1066	0.2246 4.4517
	Prostata 0.0392	0.0298	1.3161 0.7598
	Uterus_Endometrium 0.0811	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0915	0.0068	13.4672 0.0743
	Uterus_allgemein 0.0917	0.0954	0.9607 1.0409
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0823		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0616		
	Zervix 0.0852		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0197
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0178
	Lunge 0.0217
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.1114
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0134
	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0179	1.5254 0.6555	5
Brust	0.0153	0.0075	2.0416 0.4898	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863 0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778	
Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638 0.5365	10
Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509 1.1753	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353 1.3600	
Herz	0.0085	0.0137	0.6168 1.6213	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0093	0.0041	2.2862 0.4374	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139 1.4008	
Niere	0.0163	0.0068	2.3791 0.4203	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0131	0.0106	1.2284 0.8141	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
Zervix	0.0426			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointenstinal	0.0139			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0061			45
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.1224			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0759			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0058			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0120			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0333			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.0077	5.5933 0.1788
	Brust 0.0217	0.0432	0.5030 1.9881
	Duenndarm 0.0307	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0419	0.0208	2.0147 0.4964
10	Endokrines_Gewebe 0.0307	0.0276	1.1115 0.8997
	Gastrointestinal 0.0345	0.0370	0.9319 1.0731
	Gehirn 0.0192	0.0257	0.7488 1.3355
	Haematopoetisch 0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0428	0.0129	3.3088 0.3022
15	Herz 0.0223	0.0137	1.6190 0.6176
	Hoden 0.0173	0.0351	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0374	0.0348	1.0758 0.9295
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0540	0.5076 1.9699
20	Niere 0.0353	0.0068	5.1548 0.1940
	Pankreas 0.0215	0.0166	1.2963 0.7714
	Penis 0.0509	0.0533	0.9547 1.0475
	Prostata 0.0262	0.0277	0.9449 1.0583
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1055	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0136	3.9279 0.2546
25	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288		
	Prostata-Hyperplasie 0.0327		
	Samenblase 0.0801		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0191		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0472
	Gehirn 0.0250
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0780
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0494
45	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0111
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0171
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0464
65	Uterus_n 0.0458

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.4367	0.1227	3.5594 0.2809	5
Brust	0.0256	0.0320	0.8006 1.2490	
Duenndarm	0.1104	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0569	0.0260	2.1874 0.4572	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.1150	0.0139	8.2834 0.1207	10
Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428 2.9168	
Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515 1.8133	
Herz	0.0763	0.0412	1.8503 0.5404	
Hoden	0.0748	0.0117	6.3957 0.1564	15
Lunge	0.0416	0.0245	1.6934 0.5905	
Magen-Speiseroehre	0.1546	0.0690	2.2409 0.4462	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0360	0.6663 1.5009	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610	
Pankreas	0.0017	0.1657	0.0100 100.2850	20
Penis	0.2605	0.0800	3.2571 0.3070	
Prostata	0.1242	0.1256	0.9889 1.0112	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.3201	0.1087	2.9459 0.3394	
Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0951			
Samenblase	0.3382			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0295			30
Zervix	0.1278			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0805			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0275			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0361			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0309			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0304			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0854			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0491			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0410			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.1582			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0179	0.6538 1.5296
	Brust 0.0102	0.0075	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0182	0.4934 2.0268
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0125	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0093	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0074	0.0154	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1422 0.8755
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0166	0.1994 5.0142
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAKIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0507	0.0613	0.8263 1.2102	5
Brust	0.0294	0.0395	0.7453 1.3417	
Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415 1.3487	
Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233 0.9772	
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624 2.7594	10
Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261 1.9007	
Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999 1.6669	
Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353 1.3600	
Herz	0.0435	0.0275	1.5805 0.6327	15
Hoden	0.0230	0.1637	0.1406 7.1142	
Lunge	0.0623	0.0716	0.8709 1.1482	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782 2.6444	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331 3.0017	
Niere	0.0407	0.0137	2.9739 0.3363	
Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431 4.1143	20
Penis	0.0359	0.0800	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0174	0.0170	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934 0.3713	
Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457 21.8583	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0268			
Samenblase	0.1513			
Sinnesorgane	0.1176			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			30
Zervix	0.0213			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointenstinal	0.0528			
Gehirn	0.0188			
Haematopoetisch	0.0315			
Haut	0.2513			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0462			
Lunge	0.0542			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0927			
Placenta	0.0242			45
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0608			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0163			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0292			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0410			60
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0410			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0256	0.4576 2.1852
	Brust 0.0205	0.0132	1.5555 0.6429
	Duenndarm 0.0337	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0100	0.5094 1.9630
	Gastrointestinal 0.0153	0.0046	3.3134 0.3018
	Gehirn 0.0074	0.0154	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch 0.0241	0.0379	0.6352 1.5743
	Haut 0.0551	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
15	Herz 0.0244	0.0825	0.2955 3.3836
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0478	0.0307	1.5580 0.6419
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.1233	0.0120	10.2798 0.0973
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0497	0.1330 7.5214
	Penis 0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0218	0.0064	3.4121 0.2931
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0356		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0268
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0975	0.0256	3.8136 0.2622	5
Brust	0.0090	0.0263	0.3403 2.9389	
Duenndarm	0.0491	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0291	0.0164	1.7781 0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0153	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0064	2.3885 0.4187	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0297			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0017			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0077	1.0170 0.9833	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771 12.9706	
Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402 0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0222			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0456			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0058			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			60
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0232			
Uterus_n	0.0208			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0546	0.1074	0.5085 1.9666
	Brust 0.0563	0.0470	1.1977 0.8349
	Duenndarm 0.1380	0.0331	4.1708 0.2398
	Eierstock 0.0539	0.0650	0.8289 1.2064
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0351	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.1322	0.1758	0.7520 1.3297
	Gehirn 0.0229	0.0452	0.5072 1.9714
	Haematopoetisch 0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.1652	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0285	0.0518	0.5515 1.8133
15	Herz 0.1166	0.1649	0.7067 1.4150
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.1049	0.1329	0.7894 1.2668
	Magen-Speiseroehre 0.1353	0.0613	2.2059 0.4533
	Muskel-Skelett 0.0685	0.0240	2.8555 0.3502
20	Niere 0.0570	0.0753	0.7570 1.3210
	Pankreas 0.0165	0.1491	0.1108 9.0256
	Penis 0.0749	0.0267	2.8079 0.3561
	Prostata 0.0610	0.0234	2.6056 0.3838
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0991	0.0340	2.9179 0.3427
	Uterus_allgemein 0.0509	0.1908	0.2669 3.7471
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0801		
	Sinnesorgane 0.0588		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0616		
	Zervix 0.1810		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
45	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0976
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0259
60	Hoden 0.0309
	Lunge 0.1802
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0663	0.0792	0.8365 1.1954	5
Brust	0.0780	0.1259	0.6196 1.6140	
Dünendarm	0.0675	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0449	0.0260	1.7269 0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0664	0.0853	0.7791 1.2835	
Gastrointestinal	0.0805	0.0370	2.1744 0.4599	10
Gehirn	0.0407	0.0924	0.4400 2.2729	
Haematopoetisch	0.0495	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0734	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.1165	0.2042 4.8960	
Herz	0.0445	0.0687	0.6476 1.5441	
Hoden	0.0403	0.0585	0.6888 1.4519	15
Lunge	0.1184	0.1329	0.8910 1.1223	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0997	0.5818 1.7188	
Muskel-Skelett	0.0634	0.0660	0.9605 1.0411	
Niere	0.0679	0.2396	0.2832 3.5307	
Pankreas	0.0182	0.0939	0.1936 5.1662	20
Penis	0.0180	0.1333	0.1348 7.4196	
Prostata	0.0501	0.0681	0.7357 1.3592	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0068	8.9781 0.1114	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0327			
Samenblase	0.0979			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1665			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0250			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0520			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0253			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0247			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0476			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0608			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0204			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.1392			60
Nerven	0.0171			
Prostata	0.0274			
Sinnesorgane	0.0619			
Uterus_n	0.0250			65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0409	0.3814 2.6222
	Brust 0.0243	0.0376	0.6465 1.5468
	Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0210	0.0286	0.7326 1.3650
10	Endokrines_Gewebe 0.0273	0.0376	0.7245 1.3802
	Gastrointestinal 0.0326	0.0370	0.8801 1.1362
	Gehirn 0.0207	0.0534	0.3877 2.5795
	Haematopoetisch 0.0267	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0970	0.0980 10.1999
15	Herz 0.0551	0.0275	2.0045 0.4989
	Hoden 0.0115	0.0351	0.3280 3.0489
	Lunge 0.0436	0.0552	0.7903 1.2654
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0077	6.3027 0.1587
	Muskel-Skelett 0.0257	0.0660	0.3894 2.5681
20	Niere 0.0136	0.0342	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0099	0.0276	0.3590 2.7857
	Penis 0.0210	0.0267	0.7862 1.2719
	Prostata 0.0327	0.0319	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0136	3.9279 0.2546
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0288		
	Prostata-Hyperplasie 0.0416		
	Samenblase 0.1068		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0486		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0333
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0393
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0658
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0204
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0454
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.0507	0.0716	0.7082 1.4119	5
Brust	0.0895	0.0827	1.0827 0.9237	
Duenndarm	0.0583	0.0331	1.7610 0.5679	
Eierstock	0.1587	0.1509	1.0520 0.9506	
Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0677	0.8553 1.1691	
Gastrointestinal	0.0747	0.1619	0.4615 2.1668	10
Gehirn	0.0377	0.0791	0.4769 2.0971	
Haematopoetisch	0.0762	0.0758	1.0057 0.9943	
Haut	0.0477	0.4237	0.1126 8.8784	
Hepatisch	0.0190	0.0841	0.2262 4.4200	
Herz	0.0689	0.0550	1.2528 0.7982	15
Hoden	0.0288	0.2105	0.1367 7.3174	
Lunge	0.0499	0.1063	0.4690 2.1324	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042 1.9833	
Muskel-Skelett	0.0343	0.0960	0.3569 2.8016	
Niere	0.0652	0.1164	0.5598 1.7864	20
Pankreas	0.0463	0.0718	0.6443 1.5520	
Penis	0.0749	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0894	0.0958	0.9326 1.0722	
Uterus_Endometrium	0.0743	0.1055	0.7042 1.4201	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.1290	0.5316 1.8811	
Uterus_allgemein	0.1273	0.3817	0.3336 2.9977	25
Brust-Hyperplasie	0.0863			
Prostata-Hyperplasie	0.1338			
Samenblase	0.1691			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0451			30
Zervix	0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit		35
Entwicklung	0.0835		
Gastrointenstinal	0.1000		
Gehirn	0.1001		
Haematopoetisch	0.0433		
Haut	0.0000		40
Hepatisch	0.0000		
Herz-Blutgefaesse	0.0569		
Lunge	0.0903		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0865		45
Placenta	0.0364		
Prostata	0.1247		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		50
Brust	0.0068		
Eierstock_n	0.3190		
Eierstock_t	0.0152		55
Endokrines_Gewebe	0.0490		
Foetal	0.0099		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0227		
Hoden	0.0000		60
Lunge	0.0164		
Nerven	0.0100		
Prostata	0.0274		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0042		65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60.

QUERY: utn_1572013_13.fasta.ext

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.1638	0.0486	3.3720 0.2966
	Brust 0.2149	0.1015	2.1172 0.4723
	Duenndarm 0.0705	0.0331	2.1317 0.4691
10	Eierstock 0.2306	0.0416	5.5404 0.1805
	Endokrines_Gewebe 0.0801	0.0251	3.1925 0.3132
	Gastrointestinal 0.0881	0.1110	0.7938 1.2597
	Gehirn 0.0606	0.0472	1.2834 0.7792
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470 4.0483
15	Haut 0.2166	0.0847	2.5559 0.3913
	Hepatisch 0.0666	0.0259	2.5735 0.3886
	Herz 0.1293	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0920	0.0468	1.9679 0.5082
	Lunge 0.1226	0.0593	2.0672 0.4838
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0920	0.5252 1.9040
	Muskel-Skelett 0.2073	0.2700	0.7678 1.3024
	Niere 0.1032	0.0068	15.0677 0.0664
	Pankreas 0.0281	0.0663	0.4238 2.3596
	Penis 0.1377	0.0267	5.1665 0.1936
25	Prostata 0.0479	0.0277	1.7323 0.5773
	Uterus_Endometrium 0.0878	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1906	0.1494	1.2753 0.7841
	Uterus_allgemein 0.3310	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.2782		
	Prostata-Hyperplasie 0.0981		
30	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.1491		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.2783
	Gastrointenstinal 0.0833
	Gehirn 0.0250
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0889
	Lunge 0.1012
45	Nebenniere 0.1268
	Niere 0.0432
	Placenta 0.2969
	Prostata 0.1496
	Sinnesorgane 0.0502

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0544
55	Eierstock_n 0.7974
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0641
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0292
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0191
	Prostata 0.0137
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 61

QUERY: uen_2932156_37.fasta.ext

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
Blase	0.2613	0.2147	1.2167 0.8219	5
Brust	0.2085	0.1767	1.1801 0.8474	
Duenndarm	0.1349	0.2150	0.6274 1.5939	
Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299 0.8850	10
Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830 0.5608	
Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278 0.7531	
Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112 0.9000	
Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0514	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878 1.2693	15
Herz	0.2173	0.3574	0.6079 1.6450	
Hoden	0.0805	0.1169	0.6888 1.4519	
Lunge	0.1195	0.2433	0.4910 2.0368	
Magen-Speiseroehre	0.1643	0.1150	1.4286 0.7000	
Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925 1.6877	20
Niere	0.1385	0.2396	0.5778 1.7307	
Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414 1.1886	
Penis	0.1347	0.0267	5.0542 0.1979	
Prostata	0.1831	0.2385	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093 0.7638	
Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2430			
Prostata-Hyperplasie	0.1486			
Samenblase	0.1958			30
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2315			
Zervix	0.0745			
35				
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.1250			
Gehirn	0.0751			40
Haematopoetisch	0.1022			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefaesse	0.1174			
Lunge	0.1806			
Nebenniere	0.0761			45
Niere	0.1915			
Placenta	0.2666			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0251			50
55				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.4785			
Eierstock_t	0.0456			
Endokrines_Gewebe	0.0979			
Foetal	0.0128			
Gastrointestinal	0.0610			
Haematopoetisch	0.0228			60
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0901			
Nerven	0.0592			
Prostata	0.3146			
Sinnesorgane	0.0232			65
Uterus_n	0.0375			

QUERY: uen_3751007_1.fasta.ext

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.1131	0.1534	0.7373 1.3563
	Brust 0.1215	0.1165	1.0427 0.9590
	Duenndarm 0.1594	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock 0.2935	0.1405	2.0893 0.4786
	Endokrines_Gewebe 0.0801	0.0928	0.8628 1.1590
	Gastrointestinal 0.1379	0.1897	0.7273 1.3749
	Gehirn 0.0495	0.1540	0.3216 3.1096
15	Haematopoetisch 0.1417	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0991	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.2006	0.1660 6.0228
	Herz 0.1304	0.1237	1.0537 0.9491
	Hoden 0.0805	0.1520	0.5298 1.8874
	Lunge 0.0800	0.1615	0.4952 2.0195
20	Magen-Speiseroehre 0.0966	0.1303	0.7415 1.3486
	Muskel-Skelett 0.0651	0.0540	1.2057 0.8294
	Niere 0.0462	0.1643	0.2809 3.5604
	Pankreas 0.0892	0.1325	0.6731 1.4857
	Penis 0.1497	0.0800	1.8719 0.5342
25	Prostata 0.1286	0.1022	1.2582 0.7948
	Uterus_Endometrium 0.1824	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1677	0.1698	0.9876 1.0126
	Uterus_allgemein 0.1222	0.0954	1.2810 0.7807
	Brust-Hyperplasie 0.1599		
	Prostata-Hyperplasie 0.2348		
30	Samenblase 0.3738		
	Sinnesorgane 0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0642		
	Zervix 0.0852		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.2388		
	Gehirn 0.2377		
40	Haematopoetisch 0.1140		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0996		
	Lunge 0.2348		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.1668		
	Placenta 0.0364		
	Prostata 0.1995		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0608		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0047		
	Gastrointestinal 0.0488		
60	Haematopoetisch 0.1025		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0328		
	Nerven 0.0100		
	Prostata 0.0615		
65	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

5

10

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

15

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz O aus den assemblierten Sequenzen

20

Die Konsens-Sequenz O wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, O in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H₀ Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while C_i > C_{i-1}; Abbruchkriterium II).

25

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

30

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
1	94.28	Chicken mRNA for leucine zipper protein	141	1780	
2	95.07	unbekannt	224	1637	D5S470-D5S410
3	97.68	unbekannt	214	619	
4	95.07	Brachydanio rerio growth-associated protein	198	422	
5	97.68	unbekannt	198	1194	
6	95.07	unbekannt	227	231	
7	97.68	unbekannt	230	1776	DXS1201-DXS1039
8	92.05	unbekannt	226	1242	D19S224-D19S421
9	95.07	unbekannt	165	553	D1S305-D1S2635
10	95.07	3 Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22	215	1246	22q11.2-q22
11	97.68	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8 secretory complex p71	245	1721	
12	95.07	unbekannt	125	1074	
13	95.07	unbekannt	194	194	D1S305-D1S2635
14	95.07	unbekannt	218	218	
15	97.68	S.pombe chromosome I cosmid c1B3	203	746	D8S1836-qTel
16	95.07	Human angiopoietin-1 Homolog	233	2784	D9S282-D9S260
17	95.07	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87	230	806	DXS366 and DXS87
18	99.99	S.cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610	302	1534	
19	95.07	unbekannt	287	807	
20	97.44	unbekannt	295	3389	D4S1580-D4S427
21	98.91	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase	222	1919	
22	96.97	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	238	280	
23	95.07	Human 1-8U gene	300	451	
24	97.68	Human BTG1	280	1011	
25	95.07	178	302		
26	91.41	Human ADP-ribosylation factor 1	257	1931	
27	94.28	Human gas1	243	1464	
28	97.68	Human cellular oncogene c-fos	180	2103	
29	99.99	Human apolipoprotein J	121	975	
30	93.33	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	212	3061	
31	92.05	Human gene for class II invariant gamma-chain	199	1193	
32	99.71	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	221	2592	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
33	99.76	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	196	884	
34	95.74	Human Insulinoma Gene	192	493	
35	97.68	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	216	913	
36	97.68	Human alternatively spliced CUTL1	221	1917	
37	98.91	Human apM2 mRNA for GS2374	217	518	
38	95.07	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	217	634	
39	98.64	Human prostaglandin D synthase	186	879	
40	97.14	Human breast epithelial antigen BA46	209	2015	
41	95.07	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	169	732	
42	94.28	Human GTP-binding protein (rhoA)	195	691	
43	98.91	Human triosephosphate isomerase mRNA	192	579	
44	99.57	Human mRNA for phosphitin/casein kinase II beta subunit	220	968	
45	97.68	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein	223	1175	
46	99.89	Human interferon-inducible protein 9-27	250	851	
47	98.91	Human c-jun proto oncogene	146	1049	
48	90.63	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67	282	1375	
49	99.99	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	273	2443	
50	95.07	H.sapiens mRNA for supt5h	209	2693	
51	91.41	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1)	310	877	
52	98.91	Human CAPL protein	299	548	
53	99.89	beta-tryptase	275	1221	
54	97.68	Lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding protein	252	252	
55	97.68	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSh)	176	733	
56	96.44	Human calcyclin gene	257	720	
57	98.41	Human cathepsin D	301	2124	
58	90.63	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	294	928	
59	94.31	Human Csa-19	297	297	
60	92.05	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	195	1837	
61	99.22	Human heart mRNA for heat shock protein 90	266	1346	
62	93.38	H.sapiens BBC1	111	251	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DNA-Sequenz Seq. ID. NO	Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. NO)
5 1	63
	64
	65
10 2	66
	67
15 3	68
	69
	70
	71
20 4	72
15 5	73
	74
25 6	75
	76
	77
30 7	78
	79
	80
35 8	81
	82
40 9	83
	84
	85
45 10	86
	87
50 11	88
	89
	90
55 12	91
	92
60 13	93
	94
65 14	95
	96
70 15	97
	98
	99
75 16	100
	101
	102
80 17	103
	104
	105
85 18	106
	107
90 19	108
	109
95 20	110
	111
100 21	112
	113
	114
105 22	115
	116
110 23	117

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1–62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63–117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(I) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

10

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 117

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 - (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 - (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- ## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

45 tccccccccc gggcaacccc cccatcgccc ccccaaagcg ctggggttac agcctaagc 60
caccaagccc cgccgacct tcttctattt ttccattctc cttccaaag ccatggccat 120
gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcc a tccctcacat gcatgtcg 180
ccccaccct cttcccagg gcttctttg gctccagcg tccctctgg a ccctctgcag 240
50 atacagcctg tgctggaccc ccagccagg tgaggctca ttctgctctg tttccccac 300
tgcctcagtt tcccccaaaa gctgcttca cgtccttcta gttaggggccc tcccatgggg 360
gcaaggatcc ctttaggat tcaatcttc ctcttggc agtttggct ttgagtcccc 420
cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagttagcgg aatgacagca gctgggtggg 480
tggtgtggg agaggctgag gggaaaggcag ctctaagact ggagtgag ttcctggagg 540
55 tgtgggagg gggcgtgtt ttcaattt aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
aatgcgaaag aggaagttcg gaaggacg a ggaatgggt gggtggcagc gggggccgct 660
cagttgtgt cgctcttg tc caccagcacg gcgtccgact ctcgggtat ctccagcagc 720
gcgtgcacgt cgggctgct cccgcgcgc aggtcgccgg cttccccccg ctccgcac 780
ctccaccatc tcggtggcct tgacacttc cacctggccc tcggatct tttgacgtq 840
60 gaaggtgaag ggtggcacct ttagaccgc ggtcttggag cgccgtaca ccacgtggc 900
gggcgtgaag gatttgcgca acttgcctcg cgacgtttc agtttctcg c ggcgtccgc 960
gggcaccagg cgctgccc gctgttcat gcgttctcc aggtgtgcc gcttctc 1020
caggtttcc ttggcttga ggcgcgtt ctcaggatc tcgggtac gaccccttgg 1080
cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtgc tccacgcgc gcaaggccctg 1140
65 cgcttatac gctctgcgc ggactcctca ataacctct caacctccac cgcctcgcc 1200
gacgaaagct ccagccgc tgctcctcc tcggccgct cgcctcgcc cagctcctcg 1260
ccctccttct ctggcaqcgc ctccgactt ttcagcgatt tgctgatgt cagttggcc 1320

ggcagctca cttcatcctg gtagatcatg actttaaagt tgccgcgcg ca>cagctcg 1380
 gcctcggtga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gcccgcacg 1440
 gtcttcacgt tgacgctgac cttgcgcacc ttctccagca gttgctcac cgtattgctc 1500
 gtggggcggt ggcgccttgcc cagcttgcgc agctgcgcct ggatgctctg cactgcgcc 1560
 tccatctccg cctgcccgtc ctccagctgt gttgagtc gctggatctg gtctacggcc 1620
 ccgatgattt tgtccaggag gtcagcacc agcacgcgt tcacctggc cgacttgatc 1680
 agctttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
 ccggggcctc ggcgatcggg gtacccggc aagcggccgc 1780

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

40

ggggagggac ggttatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
 gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgttt ccatcccttc ccagacaagc 120
 tctatttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
 atcccctctg gaggaaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
 ccatcccaagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
 gtgatttccc ttaggcccag gacttggcc tccagctcat ctgttcccttc tgggcccatt 360
 catggcaggt tctggctca aagctgaact gggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
 gactttacct gattgcctc agtttgggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggatgat tctagcaggg 540
 gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcccaagt cttgaaatgc attccatgtat 600
 attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtt gggctagttt ggtttaattt taggggcccga 660
 tgagcttggg tacgtgagca ggggttaag ttagggctcg cctgttatttc tggtcccattt 720
 ggaaatgtcc ctttcttcag tgcagacact cagtcggcagg gtccatatcg tgcccagaaaa 780
 agtagacatt atccctgcccc atcccttccc cagtgcaactc tgaccttagct agtgcctgg 840
 gcccagtgc ctgggggagc ctggctgcag gccctcaactg gttccctaaa ctttggggc 900
 tgtgattcag gtcgggggggg gggactcagg gagaaatatg gctgagttct gtatgttcca 960
 gagttggctg gtagagcctt ctagaggatc agaatattatg cttcaggatc agctgggggt 1020
 atgaaattgg ctgaggatca aacgtatgtt ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
 tgagggacag ttgggtttt ggacttaccg ggggtatgtt agatctggaa ccccaagt 1140
 aggctggagg ggttaaggt cagttatggaa gatagggttgg acagggttgg ctttggatg 1200
 aaagagtgc ctttagaggc tccttggcc tcaagatgc tcctgctgc gtgaagatg 1260
 gaaggtgctc ttactcagtt aatgtatgtt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
 ctgggtccct tggtagcaccag gagactgggg ctaaggccc ctcccaaggaa agggacacca 1380
 tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
 actagcagga ggcagcctt agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500

45

50

55

60

65

cattgtcaact gccctctccc caacctctcc tctaaaaaccac tagagactgc ctgtgtcctg 1560
 cctcttgcct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620
 caaaaaaaaaa aattttc 1637

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

40

cggtcgagg tgccccctggg aaccccccaga atcagagcct cccatgcccc tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggccccggc tgtacccac agtccccccag tgtccctctgg agaaaccagg 120
 gtccccctca gcccacccctg ccccaggggg tggtgcatag gaccccggt agctcggggc 180
 ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctgggggccc cccgtgggtt ggaggcccag 240
 gcaaaaacct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaaggc ccggggagga 300
 tgacggccca ggccctgggtt ctctgcccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag 360
 cctccatccg ttctgggtcg gtttctccg agtttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc 420
 aactgggtca gcctcccgta aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
 45 gccagagagg ggaaggtaacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact 540
 cgctgggggc cctgtgccct tgccggccggc aggttgcagc caccgcggcc caatgtcacc 600
 ttccccagaag cgtcctgtg 619

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

tcgtccaaaa catccggtat cccccaaagc cccagaccaa cctccgtcgc tttgcccctg 60
 ggaacaccga ggcctcggac ttgggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg 120
 aaactgaggc tcagagaggt gaagtacctg gccaaggcc acacagccag aatcttccac 180
 ttgactcaga tcaagaaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga 240
 ctgctcgctg gcccccacga aggtcactgg aacgttccac tagcccgac cctggagctg 300
 aaggtcacgg ccagtccaga caaatgtacc aagacataac aaagaccta cagttgcaga 360
 tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa 420
 aa 422

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

cggctcgagg tgccccctggg aaccccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggccccggc tgtacctcac agtccccccag tgtcctctgg agaaaccagg 120
 gtccccctca gccacccctg ccccaggggg tggtgcatg gaccccgat agctcggggc 180
 ttggtgccgc ccacggctt gccccctgggg tetggggggcc ccgctgggggt ggaggcccag 240
 gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga 300
 tgacggccca ggccccctgggt ctctgcccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag 360
 cctccatccg ttctggttcg gtttctccg agtttgcata ccagccgagg ctgtcgggc 420
 aactgggtca gcctcccgat aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
 gccagagagg ggaagggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact 540
 cgctgggggc cctgtgcctt tgccggccgc aggttgcgc caccgcggcc caatgtcacc 600
 ttcactcaca gtctgagttc ttgtccgcct gtcacgcctt caccaccctc cccttccagc 660
 caccaccctt tccgttccgc tcgggccttc ccagaagcgt cctgtgactc tggagaggt 720
 gacacccatcac taagggcccg accccatgga gtaacgcgcc cggccccgat gcgaatcagg 780
 cctccctac atctgggggc gttggccgcg agattccat tgacacctt gttcgtgtg 840

55

60

65

5 cttttaaatt caggtaaat gttcaataa tctgtatgcag aaqactcqc ttctcaaggg 900
 agagggaggg ggcggacgga ataaatagta acttattaa gaaatgcact tggattcctg 960
 ccatcagtca gggcgggga agggagtacc atccgcagat gggtcagca ggcacttggc1020
 cagcaggaca caggagacta gcagaaggaa gaggccggg aggaagaagc cagccaggag1080
 ggggagcctg gggtacccag actctgagcc ccctgatgcg gtgatgtggc ggccgatccall40
 gttcacgtag gcagggacac gagttagac tccccggct gttggggcgg tcgc 1194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
-
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

40 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtcaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
 cattgggaa tactttaga ggccagttc caaaaattct gctaaaaaaa gaattctggg 120
 tttgtcttac tcttccagat gagatatcac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat 180
 actgctatac tattcgtttgc ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 65 (A) ORGANISMUS: MENSCH
-
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cggcaggcag ccatcttgc tggagcctga gaaaggagg agagacagaa ggaaccggcg	60
acagtggct cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cgaggctgc	120
cgcccccgga cacgccagag gaggagccg ggaatggcc gcgtgtggc agcaagtctt	180
agcagtggac gcgaggtaa acgcgtaccg cacaccaacg ttccacagt ttccgacgca	240
gtatatccgc cggcgacca gctgctcg ggaaatgcca aggctggca ccccccagcg	300
ctgcgtcgcc agtacctgag gttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cggccccctc	360
tccgagccag gcagtgcctg tgccatacg aacagcatcg tcccgactg ccgcactact	420
tttgaccgca tggaggactt tgaggatgtat cctcgccccc tggggcccg tggcacccgt	480
cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgacaa tgaaccgtgc cgttatgag	540
gacaggcccc ctggcagcgt ggtcccaacg tcagcagcag aggcaagtgc ggccatggcc	600
ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc ttgcggca tgtatcatgt ttttaccag	660
cacgtggatg aggcatccc aagggtgcgc ttgcacaatg atgaccgaca ccgcctggcc	720
tgctgctcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgccctgcccc acccacatg	780
tttcgcgtgc tacggggcca caccctgggt gtctccgact tcgcctggc cctctccaa	840
gacatcctcg tgtccaccc actggatgcc accatgcgc tctggccctc tgaggatgg	900
cgctgcattcc gagagatccc tgaccccgat agcgctgaac tgctctgctg caccctccag	960
cctgtcaaca acaacccac tgtgggggg aacgcacaac acaacgtgca tgtcatgaac	1020
atctccacag gcaagaaaatg gaaggggggc tccagcaagc tgacaggccg tgtccttgct	1080
ctgtcctttg atgcccctgg ccggctgctc tggcgccgtg atgaccgtgg cagtgtcttc	1140
tcttcctct ttgatatggc cacagggaaatg ctgacccaaatg ccaacgcgtt ggtgggtcat	1200
gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggctctggg tcagccgcga ggcccggat	1260
ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac	1320
gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgac agagctcaca tcctgtgcgc	1380
agatcttcgt tcccctcatg tccttcgcggcc agggggccctg cgtggtgacg ggcagtgagg	1440
acatgtgcgt gcacttctt gatgtggac gggcgccaa ggctgctgca aacaagctgc	1500
agggccacag tgcacccctg cttgatgtca gttcaactg cgacgagagc ctactggcct	1560
ccagtgcgc cagcggcatg gtcatgtct ggaggcgaa gcagaatgt ggtcctgtcg	1620
gcctgtgc tgcctccat cccaccctc ttactccagc ctcgttgtt aaataaagt	1680
tcgggtgtca tgctgaggc cggctccag ctgcggccgg gacggacagg gcagaggca	1740
gcggcgact ccaggaacac ggtaaaaaaa aaaaaaa	1776

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

	ccccggacaa ggccgagttac tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct	60
10	tgcgggtgc ccttgaatta aagtcccttct tcaacgccttgtatggcga gaagcgaact	120
	tttagcccccc agagacctga cccaacacccc ccgacggcct ccaggagggg cctggcagc	180
	cccacagtcc cattcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcctccgggg	240
	tgggtgggtg ggcaggagg ggctgggca ggctctctcc tctctctctt tgtgggttgg	300
15	ccaggaggtt ccccgacca ggttgggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa	360
	tatgtatgtat gtgttgtgct ttttaacca aggaggggccc agtggattcc cacagcacaa	420
	ccggtccctt ccatgccctg ggatgcctca ccacacccag gtctcttcct ttgctctgag	480
	gtcccttcaa ggcctcccca atccaggcca aagccccatg tgccttgccc aggaactgcc	540
	tggccatgc gaggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccaccc	600
	agccctctc ccctctctgc tccagactca cttgccattt ccaggagatg gccccacaa	660
	gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggcccccct gaaccgcacc	720
20	ccatcccacc agccccggcc ttgtttgtc tggcctcacgtgtctcagat tttctaagaa	780
	ccaaaaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaaaaaaatca	840
	caaaaacaaa aaaactataa aaaagaaaaga attaaaaact ttcagagaat tactatttac	900
	tttattaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctgcacat atctctgccc	960
	tctctcctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccgggcccc ttgctgatgc	1020
25	tcctccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccagaggtgg aggtggctg	1080
	atggcctggc tgcctgggtgg ttgatggtt tgctccccc acctttttt tttgagttt	1140
	ttctgattga tttttttct tggttctgg ataaaccacc ctctgggac aggataataa	1200
	aacatgtaat attttaaga agggaaaaaaa aaaaaaaaaaa aa	1242

³⁰ (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

⁴⁰ (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

60 aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgcctt cttggccaga 60
ggcgccggtt ggactcacgg gcggggcatg atggtgtgtgg gtacgggcac ctgcgtggcg120
ctctcctccc tcctgtccct gctgctttt gctggatgc agatgtacag ccgtcagctg180
gcctccacccg agtggctcac catccagggc ggcctgcttg gttcgggtct ctgcgtgttc240
65 tcgctcactg cttcaataa tctggagaat cttgtcttg gcaaaggatt ccaagcaaag300
atcttccctg agatttcct gtgcctcctg ttggctctct ttgcatctgg cctcatccac360
cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatggttg gtctgtacta catcaacaag420

atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtccca caccagccaa ggtcacacggc 480
 aagagcaaga agagaaaactg accctgaatg ttcaataaaag ttgattctttt yaaaaaaaaa 540
 aaaaaaaaaa aaa 553

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

35

aaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc ccccaggctc ctctgtgctt 60
 tactaagatg gcctcagtct ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatggtt 120
 aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagtttta aaatatttg 180
 gatggaactc cctactgacc tctgagaact gaaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
 tgggttggga atgagatcta gggtgtggct gctggtatgc ttcagcttgc tggcaatgat 300
 gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
 ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgcctt 420
 tggccacagg agcagaggca gacctggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagtq 480
 acctgtcttc attttgcaca ggttaagagag tagttagta acctatggaa attatactgt 540
 ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctaga ggcaaggtaa 600
 taaagcactt cagggcttgc tccccaaagtg ggcctgattt agcaggttgt cctgcggcg 660
 tccaggtcag caccttcctg tagggcactg gggcttaggt cacagccct aactcataaa 720
 gcaatcaaag aaccattaga aagggctcat taagcctttt ggacacagaga cccagagag 780
 gaaaaagtga cttgccaag gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
 tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctcagcaggg cctctaacct 900
 gtgatgtcac actcaagagg ccttggcagc tccttagccat agagcttcct ttccagaacc 960
 cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgctt 1020
 ggggacctag acctcaggtg gtctcttgggt gtttagtgatg ctggagaaga gaatattact 1080
 ggtttctact tttctataaa ggcatcttc tatatacatg ttttatatac ctcattctga 1140
 cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaaaaaaaaaaaag 1200
 aaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1246

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

25 cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttgccaa tttgtgatgt agccgaatat 60
aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atggattac atcttttga tactctgcat 120
gctcttgca atcttcttgtt agttccccca gataattaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
caacttgcta atctggacaa gaatatactt cactcctcg tacaacttcg tgctgattat 240
agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa ttacaaaagg aattcagtgt 300
cagttcctt acagaggaat gtcttatact tcagcagccc tcgggtgata gaaagcacag 360
gagatacctt atgacacagc caacatttg taaaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
atacttacct ttgaggttt atttaagtt tggataccac tagctatatt ttgcttttt 480
cccctcacat tgaattttaa ttccattttt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaact 540
acatgtcact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgttacca 600
gtgtttcgg ttcttgcact tttAACATAT tccatttaga aattttgcctt ttctgttttc 660
cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttggta ttccctcagg tttatgacc 720
tttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggtttc gtaaataatt ttttgcctc 780
tttcaaaagg ttaacaatta agcatactt ctgcagttgg ttgattggat tttttctga 840
40 ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
ttatgttagac attaggatg gatcggataa cttctgcctt ctgggtaaaa cttaaaaatgt 960
tactatttct tattttgtaa atagattta agccattct agtaagaaat taataaaaact1020
accttatttt gtatttcact taaggtggag gaccttaact aaaggaccat atttattcat1080
tattttataa ttataaggga agtaaaaaaa agtgaggat agtctaaatg gtgcataatg1140
50 gaaatactga cagtgttag caacatgcag cccttgaga ttctgtcgt aatgctaaac1200
ttgaataaga tggatggct gaacatgtgg ttagtctttt atttaagaa gaattgagaal260
ttgatagatt tggagatgag cttgcaaag gctgtttgc tttcatgtct ataggctgt1320
cattgtcctt tttcaagca tttctgaatg tattcctact tggatataatg taatgaaat1380
ggcttaattt gatgacataa taaatcaattt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta1440
gaaaggccat tactattcta taaacccat aaacttgc tgggagaatg cattctaaat1500
tatatatagt gtttcagctc ccattgtgg tttcatagtc ttcttaggaac agataaaact1560
aagtattcaa ttcaacttgc ggcattttt cccggaggcc ccccttttta gcccatttt1620
gggaaaacct gctttcttc tgaggaacct tattctgaa tgtcatccac ttacccaaal680
ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g 1721

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 60 (A) LÄNGE: 1074 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

20

cgagcgcttc ctcaccaccc tgcgacggca ccgggcctgc agcacatacc gaaccatcta 60
 taggaccggcc taccggccga gcccgggtt ggccccctgcc aggcctcgct acgcgtgctg 120
 ccccggttgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
 gccatggccgg aacggaggaa gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
 gcgggggtgac acttggccagt cagatgtgga tgaatgcagt gctaggaggg gcgctgtcc 300
 ccagcgctgc gtcaacaccc cgccgactta ctggtgccag tgggggagg ggcacagcc 360
 gtctgcagac ggtacactt gtgtgccc aa gggaggggcc cccagggtgg ccccaaccc 420
 gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaaga agtgcagagg ctgcagtcca gggtgaccc 480
 gctggaggag aagctgcagc tggtgctggc cccactgcac agctggcc ctgcaggact 540
 ggagcatggg ctccggacc ccggcagcc cctggtgac tccttcagc agctcgccg 600
 catcgactcc ctgagcgagc agatccctt cctggaggag cagctgggt cctgctctg 660
 caagaaaagac tcgtgactgc ccagcccccc aggctggact gagccccctca cgccgccc 720
 cagccccat gcccctgccc aacatgctgg gggtccagaa gccacctcgg ggtgactgag 780
 cggaaggcca ggcaggccct tcctccctt cctccccc ttccctcgggaa ggctccccag 840
 accctggcat gggatgggtt gggatcttct ctgtaatcc acccctggct acccccaccc 900
 tggctacccc aacggcattcc caaggccagg tggccctca gctgagggaa ggtacgagct 960
 ccctgctgga gcctgggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
 cagtgggct gctgcctgac cccagcaca ataaaaatga aacgtaaaaa aaaa 1074

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5 gttcagctcg cgtttggc ccagaagagc cgggtggct caggggcggg gcatgatgg 60
 ggtgggtacg ggcacccgc tggcgcttc ctccctcctg tccttgctgc tcttgctgg 120
 gatgcgggtg tgccggcgtc cgctggcctc cgccgggtgg ctgcggcgtcc gggcgccc 180
 gcttggttcg ggtc 194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

40 cttgggtacg tgagcagggt gttaagttag ggtctgcctg tatttctggc ccccttggga 60
 atgtccccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatgggtgcc cagaggagta 120
 gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctagcttagtgc cctggggccc 180
 agtgcacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tcactgg 218

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

gccgagtcgc tgaccgagcg caccccgccc cccggcgccat cttcccgacc gcgagccgtc 60
 caggctctca g tgctgtgccc cccccagagc ctagaggatg tttcatggga tccca gacccac 120
 gcccggcata ggagccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaal 180
 gaacgcccgg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgttgcgg tggtaagac 240
 aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tcccccagcg agtacactgc 300
 agcctgctcc cggctctgg tccaatac aa agctgccttc aggcaagg tccaggcata 360
 aatca gctct attgacgaat tctgcccaa gttccgcctg gactgcccgc tggccatgg 420
 gcgatcaag gaggacccgc ccatcaccat caaggacgac aaggcaacc tcaaccgctg 480
 catcgacac gtggtctcgc tcttcatcac ggtcatggac aagctgcgc tggagattcc 540
 gcccattgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgtat ggagaccatg caccgcatga 600
 gccacctccc acccgacttt gagggccgccc agacggctag ccagtggctg cagaccctga 660
 gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gggcagatg ctgttcgacg 720
 tggagtca gtc tacaaagctt aacgct 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2784 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

cagagctgggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
 gcccacat gaactcgccg gtcacgcagc tctacatgca gctccctgcac gagatcatcc 120
 gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
 ccgacatgct gca gctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
 ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcg cgcagg t gaggacact gca gagggt 300
 gcccctggcc aggccgtcc cccagccacc ccccgctgcc cggccccggg tctaccaacc 360
 acccacctac aaccgcata tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
 cctgaaggtg ctgccacccct ctctgcccac tatgcccact ctcaccagcc tcccatcttc 480
 caccgacaag ccgtcggcc catggagaga ctgcctgcag gccc tggagg atggccacga 540
 caccagctcc atctacctgg tgaagccgga gaacaccaac cgcc tcatgc aggtgtgg 600

cgaccagaga cacgaccccg ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
 taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaagggttt gggAACATTG acggcgaata 720
 ctggctggc ctggagaaca ttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctgg 780
 5 gaccatggag gactggtccg gccgcaaagt cttgcagaa tacgccatt tccgcctgg 840
 acctgagagc gagtattata agctgcggct gggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
 ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
 aggaaactgt gcccactacc agaaggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccal020
 10 cctcaacggg gtctggtacc gcggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
 ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
 gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
 gagcccaccc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctccctcacca gttcatcctg1260
 aggctggag gaccggatg ctggattctg tttccgaag tcactgcagc ggatgatggal320
 15 actgaatcga tacgggttt tctgtccctc ctactttctc tcacaccaga cagccctca1380
 tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taaataaatt aagtctctac1440
 aataaaaaca caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
 acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatatctaga1560
 tccatatata ggtttgcctt agatacctaa atacacatatt attcagttt cagatgttg1620
 20 agctgtcacc agcagcttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
 agtctaagg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcaccc ttgcacatctg1740
 tgtgcctgga ttcttccaga atgtctacaa tgctaatttc tcacatagag gttccagct1800
 tcttaagaac ccctttggc acctaataaa atttcaaaat ccctcccccc acattttcat1860
 actttcccc attctcagga ctttcacca tccatcaccc atttatccct tcatttgaca1920
 25 ccattcatta agtgccttct gtgtgtcagt ccctggccac tcactgcagt tcaaggcccc1980
 cttdccgctc tgctgtactc ctcgcctacc tactccttgc cttdtctgtc gcacagcccc2040
 ttcttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggct ccaggtttct2100
 ggttggaaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tataagataat gtactcgac2160
 tttgtatct tccattcata ctttaaccta caggtcattt gagtcttcac acaaataata2220
 30 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcatt cagatcatca gagccccag2280
 atggctacag accagagatt ccacgcttc aggctgacta gagtccgcat ctcatctcca2340
 aactacactt ccctggagaa caagtccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
 tgaataatca ggggtcaccg gacccttgg ttgatgcact gcacatgggt ggcttctga2460
 gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactccccc actattgcca agaaggggca2520
 35 agggatgagt caagaaggtg agacccttc cggtgccac gtgggcccagg ctgtgtgaga2580
 tggatgtt ttggtaactgt ccatgtctgg gtgtgtgcct attacctcag catttctcac2640
 aaagtgtacc atgttagcatg tttgtgtat ataaaaggaa gggttttttt aaaaatata2700
 tcccagatta tccttgtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttgat2760
 gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa 40 2784

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

70 75 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagaggaa aaccagagat agaggaaag 60
 ccagagagtg aaggagagcc agggagtgaa acaagggtcg caggaaagcg cccagctgag 120
 gatgatgtac ccagggaaagc caaaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctaag 180
 gagtataaag aggccatata tgatatgaat ttcatcgatg aggacatgt aagagaattt 240
 gacaatatgg ctaaggtgca ggtgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcggtt 300
 ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg 360
 ggtggctgca gggccccacg aaggacatt gaagacattc cttatgtgt a g t c c t g g 420
 caggcattta ccaggccatg tgcttaacg ttacggtaat actttactt aggcatccct 480
 cctgttgcta gcagcccttt gacctatctg caatgcgtg ttctcgttag gaaatgttca 540
 tctgttacat gaaaaaaatg ttgtatggtgc attgtaaaat taaaaaacac aacttgcaga 600
 accaaatata tggcatcgt acattttgt aaaactacaa agatacttac ctgtatata 660
 agtataaaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg 720
 gtgaattttt cgggttcctt tttggttcat ctgtccagg ttcccccaaa acagagttcc 780
 ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag 806

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 534 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

taccttgac aagatggcg caggaggcag tggcggttgtt gggaaagcgca gtcgaaaagc 60
 gatgccgatt ctggtttcct gggctgcgg cccacttcgg tggacccagc gctgaggcg 120
 cggcgccgag gccaagaaaa taagaagcg ggttggcg ggttgcgtca ggagccgtg 180
 gggctggagg ttgaccgtt cctggaaagac gtgcggctac aggagcgac gacgggtggc 240
 ttgttgtcag aggccccaaa taaaaactc ttcttcgtgg acactggctc caaggaaaa 300
 gggctgacaa agaagagaac caaatgtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaacccctt 360
 cgggttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg ccccaaaaga cgtcctcgcc 420
 caccaggtcc ccaaccccaa gaagctcagg cgaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
 aagcaggccg agctgccccg ggagggtgcgc agggcccagg cccggctcct caacccttct 540
 gcaacaaggc ccaagcccg gccccaggac accgttagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
 gcctcagaca acccccttggc caggccgttg gtggccagg atgatttt cctggagcag 660
 accaagaaga aaggagtgaa gcccggcagca cgcctgcaca ccaagccgtc ccaggccccc 720
 gcccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
 ctgctctcag cggccccacga ggtggagttt cagcggcaga aggaggccgaa gaagctggag 840
 cggcagtggc cctgcccccc acggagcagg ccggccacca ggagtccaca ttccaggagc 900

5	tgtgcgaggg gctgctggag gagtcggatg gtgaggggga gccaggccag ggcgaggggc 960 cgaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gcccggccgc cggccacca cagagaagaal020 gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080 gttgcgggcc gcccggctcc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggccca1140 ggtgtggccctg aggctggcgg gactggcgcg gcggcggagg cggcggcagg cgccggcgggai200 ggctgaggct gacaagcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcgai260 cgtgcagctg agctcgagc tgacagactc gtcaggacc ctgaagcccg agggcaacati320 ccttcgagac cggttcaaga gttccagag gagaaatatg atcgagcctc gagagagagci380 10 caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cggcggtcc gtgagatccai440 gtttagctg ccatcagatg ccggagactc gcccattcaat aaaaaatctc ttctagctgai500 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata	1534
---	---	------

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 807 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

45	tttgaggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60 atctgcaact gttaggtctt tgttatgtct tggtcacttt gtctggactg gccgtgacct120 tcagctccag ggtctggct aggaagacgt tccagtgacc ttcgtgggg ccagcgagca180 gtcggaaagt ctgtgcctct ttctggaagt cttgcttcct gacttttttg atctgagtca240 agtggaaagat tccttttacc agcttccaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
50	gttccagggc aaagcqacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360 gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgate tcactgtggc cagggtctgc420 tttgtcctct gggcaaatct tgcaagcactt cccagccact ttctcggggt gacggcaggg480 gtactcggtg ggacaggtca cacgctggca gtcctggcgg ccatcctcac aggtgcatacg540 gatgcagggc aaggggccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtggagta600
55	cgtcttccccg ccatgcacac aggcttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660 tgtgctgcct gctcccttgg gtctgaagtg gcgaggata aagctcagag gggcgctgag720 gccagtgaaa gctgggtcg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggaa780 tgctgagggt gtctaagccg gtgggag 807

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- 65 – (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

ctcccacaac aatttcattg ttgttagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
atccttaggt atttctaaaa cataaaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatgggc 120
tgattcttct gcttttctc tggaaaatct ttcatcgct ttggtgaaa tttacctaga 180
ggttacaacc acaggatgta gcttggtctc ttattgcct tttgggaaa ccaattaaga 240
ttaatacagg ataaaggaaa aaagaatct attcattata taacacagt gttgtatta 300
cttgccttcc gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcatt tgaattctt tctaataagaa 360
caaccaaaaa aggcttctt tggcagca ggaaaaaaga tcattttat agcttgcatt 420
tcttaacata gcatttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
gtcggtttga gatcatcgcc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtattc 540
cagttgtcta gtgggtgtgt atgcaggaat gagaagtgtt ttcttccat ttctgttgg 600
acaggtggca atcttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaaataaca 660
tgactatgcc ttctggcat cctaggacta ttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa ctcagctgg gcactggcag cataggtctc 780
atcttgacc atacagtccc actttataga agagggtgaa agttctccaa aacaatatcc 840
acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
gctccctgga gtaagaggaa tttgcttcc ctgtctgccc accagggct atatgtgcca 960
ccttcaggt tggggccaag gaagtgtat cagtgtgaca gaagggagag ttagaccc 1020
agacgtcagc ctccctcccc tgggtacat ttcaatctg agtgggttg ccttagctgt 1080
gttggtatta gcttgattgg ttggccgct gttatgagg tggggagg cagttttgtl 1140
ttagtttta ggacttgcc tcttccttg tccttagcat aatttctagg cagagcatcc 1200
acgaagtccg tttcattgc cagctcaaga gcgacaatca tttacgagg cctatgttat 1260
gttaggtgcc ttatgtat tatcccaa atccatgc gttaaatac aggcactgg 1320
atataaatga aaaaggtcat tacagtcaact gacttctgc aggacctta acattctct 1380
ttccacaagt ttccccttaa tcatgtgtca aacctctt cctgacggga atgttgtgtl 1440
ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aagggtccat ggacatgtaa 1500
gtacagcata ttcccctcag tcttcttagga gggcagagtg aatcccagaa ctggtaagat 1560
tggaatctg agcattgcca cttaatctt agaatattta tcattttgac acatcctgtt 1620
tttagagag gaaaacaaac acagttctg cattggtagt gtaaagcata cttgttaggl 1680
aacgttttt gtaagacaca tttgggtgt cattctagag catgtcaaac ttgtacttc 1740
aaaatatatt tagtatgatt gttagtggtt acatatatca aggcttgaa ttaactgtt 1800
tatttaattt tcacaagaag cacttattt agccatagga aaaccaatct gagctacaa 1860
tagtcttta aaataagccc agttattt gctattctg aaagtgcgcga ctctttcaal 1920
gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc ctaaattcta gcctggcagc 1980
aagagtcaca tctgagatgt ccaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa cacctgatct acattgaaag 2040
gggtagact aacgtatgtg agaccattt cctatttgc gttacaagg taaagaactt 2100
tgaaggtcat tcggctgcta agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa 2160
accctcctaa gagcagaaga cacatggctg ttagtgc tgcattttat taattctca 2220
aataaaggcc cttggctgct aagggtgaat tattgaaatc agttgcatt tgcattttat caactggccc 2340
aqcaqqcagg qcatgttgcq tcatggcat caaaaagaaa tgattgttt ttgaaaagct 2400

aaatgcttaa aatgcttcta gagggaaagtc gtggggcggtg tgctcattct cttaaaatc2460
 agggttgttgc agttttttt taaacatttt tataagtca tggaaaaaaa catataatt2520
 5 ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggcttggg tccacatatc2580
 attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacacttg gtgtgccga gttagtcaac2640
 aattattctg ggaaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgcctacca gggttggcca2700
 agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
 10 tcattctatg agcgtcätgc caatgaaacc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
 ttatctttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagttct taattttttt aaaaactgta2940
 tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaaa tcacagcact3000
 actcagagc aattgaataa agagaaattt aattttaaat atcaagtccct gtcaaacatt3060
 tctcaaactt ctgattttat caaaggtttgc ccagccaaata aagtgcattcc caagtataca3120
 15 ggggagaaag ctagactcct acagggtcct agagtttaag taattttttt gttattaata3180
 taggttaataa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
 cctctgttta tgcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgtctg tgacaggtga3300
 aatgtaaatc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctactccca gcctacctt3360
 cttcctctac ctgataatga taatactca 3389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1919 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

caccgcctcc cggggagacc gattgcggaa cccaccttcc tcctactgtt caagtaccag 60
 ggggcctgg tcccgcaaag ggaagaaaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggt 120
 55 gatccgcccga gccactgccc cggactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
 ttaaatatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
 gttttggaga gcacccctt taccactgccc tggttgcaga agtgcggaaa gagcactgga 300
 ctccggaagg taacccctcg cccttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaaagaa 360
 60 gtagtgcgg ctgtgttagaa ccactgacta cacaggccga agttactgag aacttggaca 420
 gaaaaaatag ccagcaagtgc ttcaaactac tgagggaaaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
 cttäagaata ctatggcagg taaaagagc tggttaagta agtacagag tgctgtggag 540
 actcgaaatgt gtttaagctg tttaagtaag tataagtgt gtggagaccc ggaagagtt 600
 65 gatataatgt catttgttgt aattcagttt cataaaatgg ttcttgcgtt accctaacgt 660
 aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat tttttcttt aatttgcggcc aatcttcagg 720
 ttacagtctc tagttcgcc atgtacatgg cccttccgtg tacatggatg ggcggggagg 780
 taactaaaag atccttaca caataaagta gatgatcatg ataaatgagg taaggtccta 840
 ttatcacaca cttcaaacac ggttagatcg aaacccacta tgatactcgc ttccgtctg 900
 tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag tttaatttga aacctttgcc tccatttgga 960

atagtagaca ccagttttaaga ggggtgtcaga tgcctttttt tggcttgtcc ctgttgattg1020
 gtcagaagac agctcagcta aaaggggaaag ttgtctgggt gyucgctttt tttctgacgt1080
 ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgactactttt ttagagtatg1140
 tgcataatcac tac tttctggca atgctgcttc ttctgactca acaaatgggg1200
 agagcaaatt gaaaatgcgt aaatttggaaag gcaaggctcg aaattaaacg ttgtactttg1260
 gcctgatgtt ctgacccctta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc1320
 tgaactgccc tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg1380
 tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagttt gctctggcaa gtaatgaaag1440
 cgttctcgct tcctgagtgt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgt1500
 gcctgacttc agtgaggcttct gatgtgtgt ttttgc当地 acatgttctc agaacagtga1560
 gatcatccag cagtggccctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccatggctac1620
 ttgttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaaccta tgataggcct ctgattctgc1680
 agctgcaact ttatgaaat gtttcccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag1740
 gacacagcat tggtgggtt gccatgtact attttaccta tgaccctgtgg attggcaagt1800
 tatttatct tgaggacttc ttcgtatgta gtatgataga gcttggcaaa gatcagaaat1860
 ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctggagg 1919

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

ccccacgcgtc cgccccacgcg tccgaaaacc atcaaggat ggaataccct gggtgtgtgc 60
 aaatacactg tccaggatga gagccactca gagtgggtgt cttgtgtccg cttctcgccc120
 aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctggtcaa ggtatgaaac180
 ctggcttaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacggtg240
 actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtgttt tggggggagg 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtcccc aacaatgtcc tctggcctt gttaaacacc 60
ctcttcaatg aaccccctgc tgcctggct ttcaataaga attcgctac tccgtggaag120
tctaggaca ggaagatgg tggcgcacgtg accggggccc aggcttatgc ctccaccgccc180
aagtgcctga acatctggc cctgattctg ggcattctca tgaccattct gctcatcgtc240
atcccagtgc ttagtctcca ggcctatgga tagatcagga ggcatcactg aggcaggag300
ctctgcccatt gacctgtatc ccacgtactc caactccat tcctgcccct gccccggag360
ccgagtccctg tatcagccct ttatcctcac acggttttt acaatggcat tcaataaagt420
gcaagtgttt ctggtaaaaa aaaaaaaaaa a 451

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

65 ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gtaagataat agtctgtgga tggatcatct 60
gatgatgatg gataaatttg attttgctt tgggtggct cctcttgggg atggattatg 120
gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggt aaaaaaaaaa 180
aaaattttaa gtgacagtgc catagtttgg acagttacctt tcaatgatta atttaataag 240
cctgtgagtc caagtaaatg atcactttat ttgcttaggga gggaaagtccct aggggtggttt 300

cagtttctcc cagacataacc taaattttta catcaatcct tttaaugaaa atctgttattt 360
 caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc agggaaattt gcactattac acttcaaagt 420
 tgttattgtt aacctttcg gcagctttta ataggaaagt taaacgttt aaacatggta 480
 gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaat atgtataaat gtacataaag 540
 acaaaactgt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgttt tttggccttg 600
 aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac cttaaaaag 660
 acactgtctc aactgtggtg ttagcaccag ccagctctc gtacatttg tagctttag 720
 ttttctaaga ctgagtaaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctgggt tgtaactttc 780
 cttgtactta attgggtaaa agtctttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
 tagtcatctt ttatggtaa aattatgaac tggtaaat ttgtacagt catgtatatt 900
 gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttggatga gaaattttc ttctcttat 960
 aataaatcg ttcattatctt ggcattttaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

gtcttggctc tgtcacccag gctgggtgc agtgagccgg gattgtgcga ctgactccag 60
 cctgggtgac agggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa taaaaaaaata aaaaaagaac120
 ctggatctca atttaatttt tcataattttt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
 catacgtaga aatacagata attccacacgc acatctctag caaatttagc tattgctatt240
 gttagctat tgcttacacgc tgtatggac catataacttg gagttgaata ttgtttcat300
 ac 302

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

20 gttcctttg tttttctgt ttctttctc gttgttttc tttccttta atagttaaa 60
gatttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
gtatacaaaa cagttgatta ctaatcggtt attgaaaagca gtaagaggtt ccacgacacc 180
aatagacca gttctgaggt ttccccaaaga taaatttaac agtccagct tcagtgttta 240
tcaaaaataca aaagaaaaaa gtagagggtt tcttttcga tggcaaattcg gacccttgca 300
ggctgaggga gagaagacta catcacacac agaggtgggg tgctcccag gggctgtggg 360
25 tctaggtgga ccgcctgccc ggcttgacg cgctcctgct ggtgaggccc cagacatcct 420
gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgtt gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgaggga cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaaggtggg tagggcgcc 540
gccccatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tggaaaccgt gggagcacag 600
ggacaaggac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
30 ctactgtgac catgcagaat tgatcgacgt ctctgcgcca ccaccaccc atgttcccga 720
ggggAACAGC tgggctggcg actggcatcc aggccgtaac tgcaaatcta tgctaggcgg 780
ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttaactatt ttaaaaaatg 840
cactgagtt gggtaaaaaa ccaaccacca aaatggatt caacacagct ctaaagccaa 900
35 gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcctggaggc caggtgccc tggcctaca 960
tcccctctca gcactgaaca gtgagttgat tttctttt acaataaaaa aagctgagta 1020
atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaaca aaaactatt acattaaata 1080
aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac attacagca cggtgcgatg cacacggta 1140
ccaaaccacg gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgacgtttt ccacatgaga 1200
40 gtaaagcaga gggcaagagg agtggaggg aggggggtcg cgttcaattc tggccggal 1260
gctgattgga cagccagtcc agtccttcat agagccgtc gccgctggg ggcaggtgg 1320
cctgaatgta ccagttcctg tggcgttagt agtgcagccc cagttgtct gtatctcg 1380
ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tggcgttagt caccaggagg acagcatccc 1440
ggagctcgac ctcggccagc atcctcatga gtcctcagc ggctcggtc acacgctctc 1500
45 tgtcattgtc gtccaccacg aagatcaggc cttgtgttt ctggaaatgt tggccacal 1560
ggggccggat cttgtcctgg ccacccacgt cccacacagt gaagctgatg ttcttgact 1620
ccacggttc cacgttgaag cctatgggg gaatgggtt cacatctca cccagctta 1680
gctttagag gatcggttc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcattt 1740
ctttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttccccatg tttgtggaca 1800
50 ggtggaaagga cactggccag ggacacctca gaggctgctg ctccgagcca ggcgttgggt 1860
ttgctcccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca ggcctccgg ggcggggca 1920
cgccggtaa g 1931

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1464 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```

ggggcgcatg gaccccccact cgccctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
ccctcgcgcc cccccggcgtt ggctgcggga gagcccgctg cccactcccg tgctcgccctc 120
gaccggcgcc cgggcacctg tggcttgaaa caagatagaag ggatggttgg ggataacttcc 180
caaaaactttt tccaagtcaa cttgggtgttag ccgggtcccc ggccacgact ctgggcactt 240
ccccctgaagc tcctctccgg agcttgactt cttggacctc ctccccccgccc ccaattccaa 300
gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaaagggtgc 420
tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattataat ttgcaaaagg 480
gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtccc acttaccgat 600
tcatttttc actgtttgtta tctgcgccca gaattctcag tgacgtgggg gtgagggtgg 660
gtggcgatttgc ctttagaggg aacccctaaa ttggttttgg ataagtttga gcccttgacc 720
ttaattttcat tgcttaccact ctgatctt agcacatttc ttaggattaa gggtccaaaa 780
atgctgatct aagggttgc catgggtttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
tgcactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgtt ttttgtcatt tttgttctt 900
acatcaagaa attttatgtt taaatatgcg gagaatgtat attgcctctg ctcctatcag 960
ggttgctaaa ccctggtaca tcgtatataa aatgtattaa aactggggtt tgttaccagt 1020
tgctgtactt tgtatataa attttatataa attgtatgt tcagaatataa tttattttta 1080
aaaagaaaatt aaaagttta aactcacatc catattacac ctttcccccc tgaatgtat 1140
agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatattta 1200
gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatTTTA tagaattgaa gttaacattc ttatTTTcaal 1260
gagaatttat ggacgttgc gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
attttatag acatgtttt taaaaatcct aagttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
ttttttggat tattttttt attaaaacat gtacatcagt aaagagttt aaacaatgaa 1440
aaaaaaaaaaa aaaatttcca aaaa 1464

```

20

25

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2103 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

10 gccccggccgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
 ccacctgtct ccccccctcg gcccctcgcc cggcttgcc taaccgccac gatgatgttc 120
 tcgggcttca acgcagacta cgaggcgtca tcctcccgt gcagcagcgc gtccccggcc 180
 gggaatagcc tctttacta ccactcaccc gcagactcct tctccagcat gggctcgcc 240
 15 gtcAACGCGC aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgc当地 cattcccacg 300
 gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgca当地 cctcgtctcc 360
 tctgtggccc catcgagac cagagccct caccctttcg gagtccc当地 cccctccgct 420
 ggggcttact ccaggcgtgg cgttgtgaag accatgacag gagggccgagc gcagagcatt 480
 20 ggcaggaggg gcaagggtgga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
 agggaaagga ataagatggc tgc当地 cc当地 ggaggaggg gctgactgat 600
 acactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctt当地 gaccgagatt 660
 gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gagttcatcc tggc当地 cccgacctgcc 720
 tgcaagatcc ctgatgaccc gggcttccca gaagagatgt ctg当地 cctt当地 780
 25 actggggcc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccctcac cctg当地 840
 ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gAACCTGTCA agagcatcag cagcatggag 900
 ctgaagaccg agcccttga tgacttctg ttccc当地 catccaggcc cagtgctct 960
 gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt cttctatgc agcagactgg 1020
 gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagccctg 1080
 30 tgc当地 cc当地 tggtcacctg tactccc当地 tgc当地 acacgtcttc cttcgtcttc 1140
 acctaccccg aggctgactc ct当地 cc当地 tgc当地 cccaccgcaa gggcagcagc 1200
 agcaatgagc ct当地 ct当地 tgc当地 cagc tc当地 cc当地 tgctggccct gtgaggggc 1260
 agggaaagggg aggccgg caccacaaag tgccactgccc ctagctggc cattacagag 1320
 aggagaaaaca catcttccct agagggttcc tgc当地 accttccctt agtgc当地 1380
 35 tgaacacac caggctgtgg gc当地 caagga ct当地 gaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
 ct当地 acctctt cc当地 gagatgt agcaaaaacgc atggagtttgc tattgttccc agtgc当地 1500
 cagagagctg gtagtttaga gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct ct当地 ct当地 1560
 tctc当地 tagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tc当地 atttgg aattaacctg 1620
 gtgctggata tttcaattt gtagcttagt cagctgattt taacaataac tactgtttc 1680
 40 ctggcaatag tgc当地 tt当地 ttagaaatga ccaatattt actaagaaaa gatacgactt 1740
 tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagttt tcttcaacat 1800
 caatgttcat tgc当地 tt当地 ctgatcatgc attgttgagg tggctgaaat gttctgacat 1860
 taacagttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttattt tatttattaa gatggattct 1920
 45 cagatattt tatttttattt ttatttttt ctaccttgag gtctttgac atgtggaaag 1980
 tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaaagacat tgtcaataaa 2040
 agcatttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gggggaaagca tgggggggtc 2100
 acc 2103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 975 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```
cacccgggag ccccaggata ggtaccacta cctgcgcgtc aaggtgcccc accggggggc 60
tgcacttctt cgttccaag tccccgcac gtcgcagct tgatgcactt ctctccgtac120
gagccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgaggctca180
gcagggccatg gacatccact tccacagccc ggccttcag cacccgccaa cagaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccggagatc cgccacaact ccacggctg300
cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggcta agtgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgctga420
gaggttgacc aggaaataca acgagctgct aaagtccctac cagtggaga tgctcaacac480
ctcctcccttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacct540
cacgcaaggc gaagaccagt actatctcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt cttccggtg tcaactgaggt ggtcgtaaag ctcttaact ctaatccat660
caactgtaaacg gtccctgttag aagtctccag gaagaaccct aaattgtatgg agaccgtggc720
ggagaaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcacccggag gagtggatg tggatgttgc780
tttgcacct acggggcat ctaagtccag ctccccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggcccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcactct aacactcgac tctgctgctc atggaaattg960
ctcctgcatg caact
```

15

20

25

30

975

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 3061 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

60

```
acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctcctctgtc gcccggccctt cctggcttca ccgtttcatc attggcaaga aagggcagaa 180
```

65

cctggccaaa atcactcagc agatgccaaa ggttcacac gagttcacag agggcgzaga 240
 caagatcacc ctggagggcc ctacagagga tgtcaalytg gcccaggaac zgatugaagg 300
 catggtaaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagtt 360
 5 ccacaggcac ctcattggga agagcggtgc caacataaac agaatcaaag accagtacaa 420
 ggtgtccgtg cgcatccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
 cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatttc gcatggaaaa 540
 tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgacacaatca ttgggcagaa 600
 10 gggtaacgg atccgtgaaa ttctgtacaa attcccagag gtcatttcattt actttccaga 660
 cccagcacaa aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
 cacaataac atgcagaaga tgggtggcaga tctggggaa aatagctatt caatttctgt 780
 tccgatcttc aaacagttt acaagaatat cattggggaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
 gattcgtgaa gaaagcaaca cccaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900
 15 cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgcgg ggagcaggat tctgtctatt 960
 cagaaagacc tggccaaacat agccgaggta gaggtctcca tccctgccaa gctgcacaac 1020
 tccctcattt gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcggggtc 1080
 cacattcaat ttcccgtgga aggttcagga agcgcacaccg ttgttatcag gggcccttc 1140
 tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatttcgg cggaggagaa gcaaaccaag 1200
 20 agtttcaactg ttgacatccg cgccaaagcca gaataccaca aatttcattt cggcaagggg 1260
 ggcggccaaa ttgcacagg gcgcgcacagc actggagcac gtgtcattt ccctgcggct 1320
 gaggacaagg accaggaccc gatcaccatc attggaaagg aggacgcgtt ccgagaggca 1380
 cagaaggagc tggaggcattt gatccaaac ctggataatg tggtaagaatg ctccatgctg 1440
 gtggacccca agcaccaccc ccacttcgtc atccgcagag gccaggctt gcccgggat 1500
 25 gctgaagagt atggcggtt gatggtcagc ttcccacgtt ctggcacaca gagcgacaa 1560
 gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgt gaggcagccca agaaacgcattt tcaggagatc 1620
 attgaggacc tggaaagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccggggaa attccatcga 1680
 tctgtcatgg gccccaaagg ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgttca 1740
 attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag 1800
 30 aatggggacg aagctgggg gggggagagag gctaaagatt gtgacccccc ctctccaagg 1860
 aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaaat gtgaggctgc caaggaagct 1920
 ctggaggcat tggttccctgt caccatttgc gtagagggtgc ccttgcaccc tcaccgttac 1980
 gttattggc agaaaggaag tggatccgc aagatgtatgg atgagtttga ggtgaacata 2040
 35 catgtcccgg cacctgagct gcagtctgac atcatgcgc tcaacggcct cgctgcaat 2100
 ttggacccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag 2160
 gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcactgttag accccaaata ccattccaaag 2220
 attatcgga gaaagggggc agtaattacc caaatccgtt tggagcatga cgtgaacatc 2280
 cagtttcctg ataaggacga tggaaaccag ccccaggacc aaattaccat cacagggtac 2340
 gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgtt atactgagaa ttgtgggtga actttagcag 2400
 40 atggttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcattt tgggtccgc 2460
 ggcaaaagcca ttgcacaaat catggacgaa ttcaagggtgg acattcgctt cccacagagc 2520
 ggagccccag accccaaactg cgtcaactgt acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc 2580
 atcgaccaca tcctcaatct ggaggagggaa tacctagctg acgtgggtga cagtggcg 2640
 45 ctgcaggat atcatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcacccctc cagaggctt 2700
 gtggtgccgg acgcaccctg gaccggccagc agcagtgaga aggctctga catgagcagc 2760
 tctgaggaat ttcccacgtt tggggctcag gtggctccca agaccctccc ttggggcccc 2820
 aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac 2880
 acaatggttt gtctcaatct gacccagcgg ctggaccctc cgtaaattgt tgacgcttt 2940
 50 ccccttcccc gaggtccgca gggagccctag cgcctggctg tgggtgcggc cgctcgagca 3000
 tgcatttgcata gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaatttac tggccgtcga 3060
 t 3061

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2592 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

ccggggcccc	agtgaggagc	tgctgcggca	gtgggagcag	cggttgcagg	agtccctgctc	60
cgtgtgcctg	gccgggctag	atggcttccg	ccggcagcag	caggaggaca	gggagcggct	120
gcgagcgatg	gagaagctgc	tggcccccgt	ggaggagcgg	caacggcacc	tcgcagggct	180
ggcgggtggc	cgcagcgcct	gcaggaatgc	tgtctccag	agctgggccc	gcgactggca	240
gagctggagc	gcaggctgga	tgtcgtggcc	ggctcagtga	cagtctgtag	tgggcggcga	300
ggcacagagc	tgggaggagc	cgcggggcag	ggaggccacc	ccccaggcta	caccagcttgc	360
gcctcccgcc	tgtctcgcct	ggaggaccgc	ttcaactcca	ccctgggccc	ttcggaggag	420
caggaggaga	gctggcctgg	ggctcctggg	gggctgagcc	actggctgcc	tgctgcccgg	480
ggccgactag	agcagttggg	ggggctgctg	gccaatgtga	gcggggagct	ggggggggcgg	540
ttggatctgt	tggaggagca	ggtggcaggg	gccatgcagg	catgcgggca	gctctgctct	600
ggggccctg	gggagcagga	ctctcaagtc	agcgagatcc	tcaagtgcctt	ggagcgcagg	660
gtgctggaca	gtgaggggca	gctgcggctg	gtgggctccg	gcctgcacac	gttggaaagca	720
gcgggggagg	cccgccagggc	cacgctggag	ggattacaag	aggttgtggg	ccggctccag	780
gatcggtgtgg	atgcccagga	tgagacagct	gcagagttca	cactacggct	aatctcaact	840
gcggcccccgc	taggccaact	ggaggggctg	ctgcaggccc	atggggatga	gggctgtggg	900
gcctgtggcg	gagtccaaga	ggaacttaggc	cgccctcggg	atggtgtgg	gcgctgctcc	960
tgcctccctgt	tgcctccctg	gggtcctggg	gctggtccag	gtgttgggg	cccaagccgt	1020
gggcccctgg	acggcttcag	cgttttggg	ggcagctca	gctcagccct	gcaggccctg	1080
caaggagagc	tctctgaggt	tattctcagc	ttcagctccc	tcaatgactc	actgaatgag	1140
ctccagacca	ctgtggaggg	ccagggcgct	gatctggctg	acctgggggc	aaccaaggac	1200
cgtatcattt	ctgagattaa	caggctgcag	caggaggcca	cagagcatgc	tacagagagt	1260
gaagagcgct	tccgaggcct	agaggaggga	caagcacagg	ccggccagtg	ccccagctta	1320
gaggggcgat	tgggccgtct	tgagggtgtc	tgtgaacgg	tggacactgt	ggctggggga	1380
ctgcaggggcc	tgcgcgaggg	ccttccaga	cacgtggctg	ggctctggc	tggctccgg	1440
gaaaccaaca	ccaccagcca	gatgcaggca	gccctgctgg	agaagctgg	cgggggacag	1500
gcgggcctgg	gcaggccgct	gggtgccctt	aacagctccc	tgcagctcct	ggaggaccgt	1560
ctgcaccagc	tcagcctgaa	ggacctca	ggcctgcag	gagaggctgg	gcccccaggg	1620
cctcctggc	tgcagggacc	cccaggccct	gctggaccc	caggatcacc	aggcaaggac	1680
ggcaagagg	gccccatcg	gccaccaggt	cctcaagg	aacagggagt	ggagggggca	1740
ccagcagccc	ctgtccccca	agtggcattt	tca	tgagttgccc	ccggctctga	1800
ccaggcacgg	tccccttcga	cagagtcc	ctcaatgt	gaggctatta	tgc	1860
acaggcgtgt	tcacagcgcc	actggctgg	cgctacttgc	tgcgcgg	actggctgg	1920
caccggcacg	agaaagtgg	ggccgtctg	tcccgttca	accaggcg	ggcccgcgt	1980
gactccggtg	gctacgagcc	tgaggcctg	gagaataagc	cggtggccg	gagccagccc	2040
agcccgggca	ccctggcg	cttcagcctc	atcctgccc	tgcaggccgg	ggacacggc	2100
tgcgtcgacc	tggtcatgg	gca	cactcgagg	agccgctcac	catttcagc	2160
ggggccctgc	tctatggg	cccagagctt	gaacacgcgt	agactgggt	cccgccccac	2220
gtgttacgt	cggtcgaaa	gacagcg	ggggcgggct	cctgggg	ccctgagac	2280
ggggcaccta	gccctggcg	agcgcgcac	ccgggccc	agcggcacc	cgcccagagc	2340
ggcctctccc	ca	gcgcgcggc	tcaggag	tcggggcc	ccatgcagac	2400
tttggcctg	gcgcgatccc	cca	ctccagg	ggcctgcgg	ggagccgatc	2460
ctcgacc	ccgcctcc	cactggcc	ccagg	tccctgg	ccaggctccc	2520
cegcgeggc	gccgcccacc	gccataactaa	acgatcgagg	aataaagaca	cttggttt	2580
ctaaaaaaa	ct					2592

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

65

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

19 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
ggtcacaggt caagtcatc actagtcccc actaggaggg gtggcaggga cagggctggg120
ggtgtgggg cgagtcacca aggtgggggg cccagggagg gcaagctcct ttaccatct180
ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctgggccccca gagcagggca240
cgaagccccca caaaggctt gcccacacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
gaggggcggg tggacggcac tgcagggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
ccatccagct agagctcgac atggctgtct tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
caggccgctg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgac gactggctc tgtggtgctg480
gtcaccatgg tctcttccc gcacaggagg cgacacggtgg tggagcgggtt gggccctgc540
40 cagcagcccc tgccttgctc atacttcatg gcactgaact tgtcgtggtc ggggccaatc600
catgagcccc aggtgccaag gctgggtggga gagccccca gttgggttt ctgcgagaca660
agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttggtgg ttagctcgta gcactggctg720
tacaggtaag caaactcccc gttggggcca aagtcaaaaag aaatcttttgc tccaggttc780
ctgatggact cctccatgtc cttcagcgc acgcctggcct cctcgaactt gttgcgggcc840
45 tcctggcag ctgggagagg gttggaggt cagctcgagc cggg 884

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: _____
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ttcttagatcg cgagcggccg ctcggatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
 aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctgl20
 gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cgctgaacc180
 ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgcct gcgcaaggcc aagaaggagg240
 cgccgcccatt ggagaagccg gaagtggta agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
 ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttgaac caggtggaga360
 tcaagccccgat gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagccctaa420
 agcatggccggcatt ggccggcatt ggggccaccc acttctgccc gttgatccct gtgaagtaat480
 gggttagtaat ttt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE· NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

gttccgcaat tgtcgggcc aaaagtctgg gaacccaccg ccaaggcctg tgctcgaaacc 60
gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccc tccctgtccc120
actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
agaggagaaa tgcaataact ctggagggg ctcgagaggg ctggtcctta ttatttaac300
ttcacccgag ttcctctggg tttctaagca gttatggta tgacttagcg tcaagacatt360
tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtggta catcaagtcc atctgaca420
atgggcaga agagaaagga ctcagtgtgt gatccggttt cttttgctc gcccctgttt480
tttgtagaat ctcttcatgc ttgacatacc taccagtatt attcccgacg acacatatac540
atatgagaat ataccttatt tattttgtg taggtgtctg ctttcacaaa tgtcattgtc600
tactcctaga agaaccaaatt acctcaattt ttgttttga gtactgtact atcctgtaaa660
tatatcttaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggttttttt720
tagttgccaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc taaaataata tatttcttct780
tctaagaaga cattttgtta cataaggatg actttttat acaatggaat aaattatggc840
atttcttatttggaaaaaaa aaaaqaaaaaaa aaaaaaaaaa qaggggggggaa gagaggagag900

ggggggggggc ggt

913

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1917 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

35 agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccctggag gtgtgttgc 180
tggagaagaa ccgctcgctg cagtccgaga acgcccgcgt ggcacatctcc aacagcgacc 240
tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
40 agcagagaga gctgatcgcc cgccctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggcccgatgc cgaggggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cggtgccttc ccagagggcc 480
aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagaggaa ggcgttccgt gccccggaaacc 540
aggagcttga ggccgagaac cgccctggccc agcacacccct ccaggccctg cagagtggc 600
45 tggacagcct ggcgcggcggc aacatcaagc tctttgagaa gatcaagtcc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgtatgaca cggagctgag gtactcgcc cagtagggagg 720
agcgcctgga ccccttctcc tccttcagca agcggggagcg gcagaggaag tacctgagct 780
tgagtcctcg ggacaaggcc accctcagca tggggcgctt ggttctctcc aacaagatgg 840
cgcgaccat cggcttcttc tacacactgt tcctgcactg cctggcttcc ctgggtctct 900
50 acaagctggc atggagcggag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccaagaagt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcccgt ggtgacttgt 1020
ggcagtgata ccccgggggcc tccccctgtga cagtgcggc tgccctccca ccccgactgc 1080
tcagtgcatc taatcactta gactccctg aagaatcccc catggaaact gcccttatcc 1140
55 gctgtccagc agctgcccaga ggcggccaggat cacctcggtt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
gtcacatcag gccccgttagg tccagagagc gagcccccaa tgcccgccca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctcagcccccc acctcagggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
ctgggtggcag aggtccctca gctgcggagc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgcactgcg atcctcttgg gctctccttag gggcccccc 1440
60 tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggctttag tccagcaccc 1500
ccagcctgcc tttgccacca gccccaccct gcagagtata tgaggcttga cagagtctgc 1560
ccccctcccccc actgcaccccc aagagagaga gccccagcca gggaaacagt ttcttattacc 1620
ccctccctgc ccccgacccc atgtgatttc tgctttcttc tttagcaaga tattctgggtt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagccccaa gtctcttcag actcatggat 1740
tggtctgagg ggtctgaacg tctccttagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
65 cggccaccc tcagggccac tggcaggcct tcctgagttt gattttagt tgcataattta 1860
gctttgcaca tttgaaataa accacggttt cagccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1917

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

30

```

ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccccgaag ccatggcaag120
caagggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gcccgaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccagggaaac catcgacaaag actgctaacc aggccctctga300
caccttctct gggatcgga aaaaatttcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag cagggagact tgggtgaccc cccttccagg cgccatctag420
cacagcctgg ccctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcattaaaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aagttttg 518

```

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

ctcccgcgcg cgccgttaaa tccccgcacc tgagcatcg ctacacacccg caccggccc 60
 10 gggcatagca ccatgcctgc ttgtgcctta gccccgttag ccggccgcct cctcctcagc120
 ctgctgtgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
 cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcgacag cgaatgcgc240
 gacaacctca agtgctgcag cgccggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
 gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
 15 tgccagggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgtt gccgcaatgg ctgtgggaag420
 gtgtcctgtg tcactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
 agaaagttc tgcctggccc tgcattctgg tccagccac ctgcctccc cttttcggg540
 actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
 20 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaca aaaa 634

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 879 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

ctggcccata aataggggtc tcctcagtgc cctccgctcc tcctgccacc tccctcgctc 60
 tcccacacca ctggcaccag gccccggaca cccgctctgc tgcaggagaa tggtactca120
 tcacacgctg tggatggac tggccctgct ggggtgtgc ggcgacctgc aggcagcacc180
 55 ggaggcccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttctgg ggcgtgggt240
 cagcgcgggc ctgcctcca actcgagctg gtcggggag aagaaggcgg cggtgtccat300
 gtgcaagtct gtgggtggccc ctgccacgga tggtgccctc aacctgaccc ccaccttcct360
 cagaaaaaac cagtgtgaga cccgaaccat gctgctgcag cccgcgggtt ccctcggtc420
 ctacagctac cggagttccc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
 60 ctacgaccag tacgcgtgc tgtacagcca gggcagcaag ggcctggcg aggacttccg540
 catggccacc ctctacagcc gaacccagac ccccaaggct gagttaaagg agaaattcac600
 cgccttctgc aaggcccagg gcttcacaga ggataccatt gtctcctgc cccaaaccga660
 taagtgcattt acggaacaaat aggactcccc aggactgaag ctggatccc ggccagccag720
 gtgaccccca cgctctggat gtctctgctc tggatccc ccggccctt gcccggctc780
 65 cccgccaaag caccctgccc cactcggtt tcattctgca caataaactc cggaagcaag840
 tcagtaaaaa aaaaaaaaaaag gggaaagagg ggtgaggga 879

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2015 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

30

```

ctgagccgcc tgatttattc cggtcccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcggggctcg 60
agcagccccag cgtccccatt ccagccccg cgccccca gcatgcccg ccccccgcctg 120
ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gccccccagcc tcctcgtcgc cctggatatac 180
tgttccaaaa acccctgcca caacgggtgt ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
ggagatgtct tccccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgcggg caaccactgt 300
gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctcacagatc 360
gccgcctcat ctgtcgctgt gaccttcttg gtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
cgccctgaacc ggcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
agccgccttgg ccagtcatga gtacctgaag gccttcaagg tggctcacag ccttaatgg 600
cacgaattcg atttcatcca ttagtgttaat aaaaaacaca agagatttgt gggtaactgg 660
aacaaaaacg cgggtcatgt caacctgttt gagacccttg tggaggctca gtacgtgaga 720
ttgtacccca cgagctgcca cacggcctgc actctgcgt tttagctact gggctgtgag 780
ctgaacggat ggcgccttcc cctggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcacatct tcagctggaa cccctcctat 900
gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggttgc cggggagcta cggtAACGAT 960
cagtggctgc aggtggaccc gggctcctcg aaggaggatg caggcatcat caccagggg 1020
gcccgttaact ttggctctgt ccagttgtg gcatcctaca aggtgccta cagtaatgac 1080
agtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc 1140
aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcggccatcc ggctcgctat 1200
gtgcgcattcc tgcctgttagc ctggcacaac cgcattcccc tgcgccttgc gctgctggc 1260
tgttagtggc cacctgccac ccccaggatct tcctgccttc catggggcccg ctgcctcttg 1320
gcttcctcagc ccctttaaat caccataggg ctggggactg gggaaaggggg ggggtttcag 1380
aggcagccacc accacacagt caccctccc tccctcttc ccaccctcca cctctcacgg 1440
gccctgcccc agcccctaag ccccgtcccc taaccccccag tcctcactgt cctgtttct 1500
taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aaggggcaaag tagggcgtgt 1560
ggtttccctg cccctgtccg gaccgcgcgt cccaggtgcg tggatctctg tctctccat 1620
cccctctctc acacatcaca ttcccatggt ggcctcaaga aaggcccggg agcgcaggc 1680
tggagataac agcctcttgc cgcgtggccc tgcgtcgcc ctggggtacc atgtggccac 1740
aactgctgtg gccccctgtcc cccaagacac ttcccccttgt ctccctgggtt gcctcttttg 1800
cccctgtcc tgaagccccag cgacacagaa ggggggtgggg cgggtctatg gggagaaaagg 1860
gagcggaggc agaggaggc atgggttggc aggggtggcg tttggggccc tctatgctgg 1920
cttttcaccc cagaggacac aggagcttc caaaatatat ttatcttctt cacggaaa 1980

```

35

40

45

50

55

60

65

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

35 aaaaaaaaaaag aaaagccaaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtat gatgctgtga 60
caataagtttt gaaccttttt ttttcaaaca gcagtcacag tatttcaga gcatgtgtca120
gagtgttgtt ccgttaaccc ttggtaaat actgcttgac cgtactctca catgtggca180
aatatgggtt ttggaaagtg ttttttcttc gtccttttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240
gggcctttt gtgtgatgac cttgtctat ggcttgcacat gtgcaattgt gagggacatg300
ctcacctcta gccttaaggg gggcaggag tgatgatgg ggggaggcgt tgggagcaaa360
ataaggaaga gggctgagct gagcttcgggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
acaaaatctg aactctcaaa agtctatccc tttaactgaa aatgtaaatt tataaataata480
ttcaggagtt ggaatgttgt agttacccac tgtagggcg gcgattttg tatgttatgaa540
acatgcagtt cattatccc tggttctatt ttactttgtt cttgtgtttt cttaaaca600
45 gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat ggcctttatt gccccatgggat tatgtgggt660
atatccctcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaag aaaaaggaaa aaaactcaag720
atagctcgcc cc

```

732

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

attgcagctg caaggtactc tggtgagtca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
 tttgttggca ttgtctggg gtgggcagtt ttttgaatg ggccaaccag aaaagcccaal20
 gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggttca tgtagttac cttatagtt180
 ctgtgtatt agtgcacatt aatgtatgtt accaaaaata aatatatcta ccccagacta240
 gatgtatgtat tttttgtata attggatttc ctaatactgt catcctcaaa gaaagtgagt300
 gtatttgaa ataaagtca gatggaaaatt cattttttaa attcccgaaa tgtaacttt360
 tctgataaaa gatggccata ttacccttt tcggccccat gtatctcagt accccatgga420
 gctgggctaa gtaaatagga attggttca cgccctgaggc aattagacac ttggaaagat480
 ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagtg ctctttctc540
 ctcactgtat ccaggttccc tcccagagga gccaccagg tctatgggtc gcactcactc600
 tctcttctct ccagctgact aaacttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
 tagaataaag gcaagtttctt aaacttcctg t 691

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

gtcagatgag ctgattggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
 tggcctgca attgggggg aggtttgtt ggaaggagg ttggatgact gagaaggttg120
 tttcggca gacaaaggc atcgacata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
 cctatgagcc tgtgtggcc attggtaactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
 aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgcg gtggctcaga300
 gcacccgtat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360
 agcctgatgtt ggatggcttc ttgtgggtg gtgctccctt caagcccgaa ttctgtggaca420
 tcataatgc caaacaatga gccccatcca tcttcctac ctttcctgcc agggcaggaa480
 ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct ttccctgca tatgcttctt gattgggttg540
 atgtatgtc ttctgtggg cttaatgcaa aqttgtatc 579

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

cccaccctcc ctaattcca ctcccccac cccacttcgc ctgcccggc cgggtcccg 60
gcctgcgtg tagcggtcgc cgccgttccc tggaaatggc aacttcccta ccccacccca 120
gtcctggcc cctgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctcagaggag gtgtcctgg 180
tttcctggtt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca 240
tccaggacaa atttaatctt actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaaggctc 300
tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagt 360
acctgattga gcaggcagcc gagatgctt atggattgtt ccacgcccgc tacatcctta 420
ccaaccgtgg catcgccca agtggaaaa agtaccagca aggagactt gttactgtc 480
ctcggtgtta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cctttcagac atcccagg 540
aagccatggt gaagctctac tgccccaaatg gcatggatgt gtacacaccc aagtcatcaa 600
gacaccatca cacggatggc gcctacttcg gcactgggtt ccctcacatg ctcttcatgg 660
tgcatccca gtaccggccc aagagacctg ccaaccagt tgtgcccagg ctctacgg 720
45 tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc 780
cagtcaagac gattcgctga ttccctcccc cacctgtcct gcagtctttt actttcctt 840
tctttttgc caccctttca ggaaccctgt atggttttt gttaaattha aaggagtcgt 900
tatcggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaa 968

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1175 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

15

```

gccccggcccg cgtcagtctg cgcggtgatt cactccctcc ttgcggccgg ggcccccttc 60
ccggccagac ggccggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctgcggaaacca cgagcaagtg 120
agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccggatcca tggcgattc tgagcgccctc 180
tcggctcctg gctgctggc cgccctgcacc aacttctcgc gcactcgaaa gggaatcctc 240
ctgtttgctg agattatatt atgcctggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
ggctactcct cccctgtcggt gatttagatg atccttgcgt ctatttctt tggtgtctac 360
atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
accctcatag cggcaatcct ctacctgatc acctccattg ttgtccttgt tgagagagga 480
aaccactcca aaatcgtcgc aggggtactg ggcctaattcg ctacgtgcct ctttggctat 540
gatgcctatg tcacccccc cgttcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
gcagatggcc cgggtgttaggc gaacttccct catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
tccattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
ccctcttga ggtaaaagtg cctttattgg gagactttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
ccctcctggg tgggtggcacc atatgtgt gccttaggtcc tccttctgca cgatccaata 840
ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaagt cacaaaatga gggaaagtggg 900
gagtttagatt tcagagtcca ggccttaggt tgggaccac tccaaataat ctcctcggtg 960
tgggtgggtgg ttctatagag ggataaaatga ataataaaaca ttgttaaaat atacgataat1020
gaataaaagta atccttcat caaatgtggg taaattcaa gcatcaggag gggaaatgg1080
agtggaaaca gctggggcaa ggaggcaaag aagccaggcc tgtttacaa caaatattaal140
ttacttcaat aatgcaaacg agaggccccg tgcgg 1175

```

20

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel.
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NC: 46

5 acctgcacca ggagacactg ggaggtag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
 cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggctgcga caagtgagca gaaatagaal20
 acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcaactg180
 gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gccctcgct ccacgcagaa aaccacactt240
 ctcaaacctt cactcaacac ttccccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
 10 aggtggctgt gctggggca ccccccagca ccattttcc aaggccacc gtatcaaca360
 tccacagcga gacccgtg cccgaccatg tcgtctggc cctgttcaac accctttct420
 tgaactggtg ctgtctggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
 agatggttgg cgacgtgacc gggcccagg cctatgcctc caccgcbaag tgccgaaca540
 15 tctggccct gattctggc atcctcatga ccattggatt catcctgtta ctgttattcg600
 gctctgtgac agtctaccat attatgttac agataataca gaaaaaacgg gttactagt660
 agccgcccatt agcctgcaac cttgcactc cactgtgcaa tgctggccct gcacgctggg720
 gctgtgccc ctgccccctt ggtcctgccc cttagatacag cagttatac ccacacac780
 gtctacagtgtcattcaata aagtgcacgt gttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg840
 20 ggaaaaaggg g 851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

ctcgagccgt tttttttttt tattggatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
 tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatcttaga attgtcaaag agaagattcc 120
 55 aaatttggaaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
 cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgataaat 240
 ccaaactttg aaatgtttga cttctcgtg ggctgtccct ctccactgca acccccttc 300
 ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggtaagca attccatata gatagctggg 360
 ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattt ttttaatcga 420
 60 ctaatagaga acagtttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
 cattcttaac tcttcaact ccaccttagat agcttagtac tacagatgtat gcagaaaaga 540
 ggttagggga gtactttcca atagtttatt gtatctt aaatatcctt tctggattt 600
 tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac ttattacaa atggtaaact cagagtgctc 660
 caaatctctt atttacaaac aacactggc aggataccca aacaaacaaa caaataactt 720
 65 acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagtttc atcaaattaa aaaatatata 780
 tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcacatctgttag gctcagcctc 840

gctctcacaa acctccctcc tgccgcccct ccccaaccct ccccccgtt tggtttctta 900
 aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcgtt tggtaacccccc tccccatccc 960
 cccttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
 aaaagggtcca acgttccgtt cgcgcgaaaa 1049

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

35

aataacaactg ctttgcctcc atcctctact tcgcccata gaaagccgc ctcataagt 60
 aacgcttgac ttctcaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
 gcttcacg gcattcagca gcagcgttgc tggtaaccgac aaagacaccc tcaattaag 180
 cacattcctc gattccagca aagcaccgca acatgaccga aatgagctc ctgagcagcg 240
 aggtgttgtt gggggacttg atgtcccttc tcgaccagtc gggtttgggg gctgaagaaa 300
 gccttaggtct ctttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
 ccagcgacaa ggctaaggcg ggctcctccg aatggctggc tggatgggg ttggcagtc 420
 cctccaaacaa cagcaaggag gatgccttct cccggacaga ttggatgtt gaaaaatgg 480
 atttgaagga gttcgacttg gatgccctgt tgggtataaga tgacctggaa accatgccag 540
 atgaccttct gaccacgtt gatgacactt gtgatcttt tgccccctta gtccaggaga 600
 ctaataagca gcccccccg acggtaacc caattggcca tctcccagaa agtttaacaa 660
 aacccgacca gtttgcctcc ttcaccttct tacaacctt tccctttcc ccaggggtcc 720
 tgtccctcac tccagatcat tccttttagtt tagagctggg cagtgaagt gatatcactg 780
 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
 aggaagacac cccttcagat aatgatagt gcatctgtat gagcccagag tcctatctgg 900
 ggtctccctca gcacagcccc tctaccagg gctctccaaa taggagcctc ccacatccag 960
 gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaacttacgatcc tcctggagag aagatggtag1020
 cagaaaaagt aaagggttag aactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
 cagcagccac tagtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctt actggtagt1140
 gcaaagagct gaaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
 agatccagta cctgaaagat ttgatagaag agtccgca gcaagggg aagaaaaggg1260
 tccccttagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgc acatagagt gtagctgt1320
 gtgttccaat aaattatgtt tagggaaag taaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaa 1375

40

45

50

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

65

- (A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

- 5 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

ttttttttt tttttttttt tttatttttt ttttttatga atgaaagcaa aactttattc 60
ctcttgctg gagaagagaa cttagtgggtg gttgtgtaca ggacccccc cat ccctcacccc 120
30 tcccagaacc aaagaagaca agcagcgcca ccaaatggct ccctctgccc aagtgaaagc 180
cgagaggta cggcgtggct ggggaggcag gtgagcgcag cacggcacag ggcaggggcg 240
gctgcagtga caggcgggcg gccagggcgg cctgggccc ggttgggggg aagagggcgg 300
ggctgcttgg tagcggggc aggcttgggg gctgcccggct ggcacgggcc ccagactcag 360
ggcaccacaa cgccgttaggg gctgccttgg atgtgtcg cccccattt gaccaccagt 420
40 gtgtactccc ctttgtcctt gagcaggtag gacacgctgt agagccggct gcccacgtgc 480
ttcaccagga tctcctcgca ggggttcctt gggccatgaa cccccaccag cagcatgtt 540
ttgcctgctt tgctgcagtc tactgtgaag ctgcttttgc ggcctacgta ggccttgctc 600
agccccaggc cttggccac cacctgtcg gcgtcagcag gccaggacc cggggcccca 660
tgctgggggg cacaggtggc cttggtcaga gagtctacaa acactgtga tgtctcggt 720
aggctgtgg tagctgacgag acggggggct gtgactttgg ctttgaagggg gctggcccca 780
atgtggtagg ggccgcgtt cttgtatggag atgaggtgc tgccagggtgc catggggta 840
taggtgacgc ggtagccctc agggcactcc tggcaatcca tcttcacctt ggagggccg 900
tcaatggta ccgacaggc accagctccc gcattgtcg tgttcacgac gaactcagct 960
gggttccctg tgacaccggc ttccagacct gctccgtaa cagacaccaa gcctgggtcc 1020
45 cctccatgcc caggctcccc aactcgatc ttgaaggggc ttccaggat gtgggtccg 1080
ttgaacttga cgtcaatcag gtaaacgcctt ttctcccgag ggatgaagcg cacagcata 1140
ttatcttggt caatttctgt gacatagc ac tcctcccgat gctgtgcacc 1200
ttggcatcga tcgccccctt ggccccgttc aggctgactg caaaagagggc tggctgggt 1260
acctttagcc ctgactcctg aaggctagaa acagtggc ggcggcgatc gccagacgg 1320
50 gaagccacag gcaccacgaa gggctgtcg ggaatgtgtt cttcgatgaa cttgactgag 1380
acttcgtgtt cacctggctc ctggaccaca taagccacac cacaggagcc gtccttgcgg 1440
tcctcaaaag agatctcagc cttgtgggg ccctcgacag caatggccag gcctccagca 1500
ccagctccc gggccat gactgaattcg gctggcactc cagttcagc tcttccagg 1560
ccagggccccc cagctcgac cttgtgggtt ccccttccc cttagggccc cacgtgaac 1620
55 tggaaaggggc tcccaggcac gtgtcgcccc ttgtacttca cgctgactgt gtgtgtgccc 1680
atctcagcgg gaacaaagcg gatgcgtatg gtgtgggtt ccccttccac gatctcgcc 1740
tcatgggtct tgcccgatgg gctggtcacc tggctgtca tattctggat gctaatttca 1800
gggattttca ggctgaggc acaatgacta ccaacgttgg ccactgaagg agcccgacgc 1860
60 ctgcgggtga tgctctttt caccggccc tcgcctgtca cttcacaga gaagggctg 1920
ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgcgtt ttgtatgtt agttgcctgg ctctgtgggg 1980
cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctcc aggtcctctg tggtatgtc caccttgcgt 2040
gggcctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcac cgcgggtatc aatgataaac 2100
tctgcaggct caaagggtgtt gccttcgttga aggccctgcac cagagacccg aacacgactg 2160
65 gcatccccaa ttccgactg gctgtatcacc accggatgg ggctgctggc cacgtgtgg 2220
ccattttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctctt tggcacgaa tgaaatcccc 2280
acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa caggctcctt cccggcccgaa gggcggacc 2340

```

acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca 2400
 gagccgacct ttagtgtggta catacgcatg gactcctcac ctg 2443

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
 gatcgccagca aggccccat gagttgaaa gactggtttgc cccaaaggaa gaagtttaag 120
 cggcctccac agaggctgtt tgatgctgag aagatcagggt ccctgggggg tgatgttgcc 180
 tctgtatggtg acttcctcat ctttgagggg aaccgttaca gccggaaaggg ctttctgttc 240
 aagagettcg ccatgtctgc tgtgtatcacg gagggtgtga agccaacact ctctgagctg 300
 gaaaagtttgc aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
 aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtgagctc 420
 atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgcccag 480
 catgaggacc tcaaggacat gttggagttc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
 atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg ggcacacagg cctcattgtg 600
 cgggtggagg agaatttcgt tatcctgttc tctgacactca ccatgcatga gctgaaggtg 660
 ctccccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tggggccag 720
 catgaatggg gcgagctggc gcagctggat ccccaactg tgggtgtcat cgtgcgacta 780
 gaacggggaga cttccaggt gctgaacatg tacggaaagg tggtgactgt cagacatcag 840
 gctgtgaccc ggaagaagga caaccgcattt gctgtggcct tggactcaga gcagaacaac 900
 atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggccccc actcaggccc agaaggggag 960
 attcgccatc tcttccgaaq cttcgcccttc ctacattgca agaaactggc ggagaacggg 1020
 ggcatgtttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaa gccccgtat 1080
 gtgaccaact tcaccgtggg tggctttgc cctatgagtc cccggatcag cagccccatg 1140
 caccggcgtg ctggaggtca gcgtggcggc tttggtagcc caggtggcgg cagtggtggc 1200
 atgagcaggc gcccggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt ggcacatctcc 1260
 cagggccct acaaaggcta catcggtgtc gtgaaagatg ccacagagtc cacggccgt 1320
 gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacggc 1380
 ggctcacggc gcccggccg catgacccctg acctatggga ggacgcccatt gtatggctcc 1440
 cagaacgcca tgtatggctc tggctccca acacccatgt acggctcaca gacacccctc 1500
 caggatggta gcccacccc acactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc 1560
 actcctgccc agagtggggc ctgggacccc aacaacccc acacggcgtc acgggctgag 1620
 gaagaatatg agtatgctt cgtatgttag cccacccctg ccccgccaggc ctatggggg 1680
 acccccaatc cccaaacacc tggctaccca gaccctcgt ccccacaggt caacccaca 1740
 tacaacccgc agacgccagg gacgccggcc atgtacaaca cagaccagg ctctccctat 1800
 gcggggccct ccccacaaagg ttccctaccag cccagccca gccccagag ctaccaccag 1860

5 gtggcgccaa gcccagcagg ctaccagaat acccaactcc cagccagcta ccaccctaca1920
 ccgtcgccca tggcctatca ggctagcccc agcccgagcc cccgttggcta cagtcctatg1980
 acacctggag ctccctcccc tggtggtac aacccacaca cggcaggctc aggcatcgag2040
 cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcaggtga aggtgcggga cacctacgt2100
 gatacacagg tggtggtaca gacaggtgtc atccgcagtg tcacgggggg catgtgtct2160
 gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
 10 accccccacca agaacaacaa ggtgaaagtq atcctggcg agatcggga agccacggc2280
 gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgt a tgaccttga tgagcagctc2340
 aagatcctca acctccgctt cctgggaag ctccctggaag cctgaagcag gcagggccgg2400
 tggacttcgt cgatgaaaga gtgatcctcc ttcccttcct gccccttgc tgcacacaa2460
 gatcctcctg cagggctagg cggattttc tggatttcct tttgttttc ctttagttt2520
 tccatctttt ccctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctggg gagggtcccc2580
 15 accttcctgt acctccccc cacagctgc tttgttga ccgtcttca ataaaaagaa2640
 gctgttttgt ctaaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2693

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

40 taaattcgcg gcccgtcgac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
 tggtcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgctca gagtcccccc aaccctcact120
 45 gtttcccggtt gccattgtg gggaggtca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
 gcttggggccg ggcactgagg cgcacccacat atgctgagag cagggggaaac gcatccaggc240
 agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag caggtttag tcagcgaagg300
 agatctggc tcccacaatg aaggtcttgc ctccctgggtt ctgggacagc aggtctcaa360
 50 aaggcttcag ttgccccggc agtgccttca catagtcatc ctggccggcc tcatagttgg420
 tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgg a ggtcctccac gccgtcattc accatgtcca480
 ccaggcgtgc ctccctgtgg tcctccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
 55 ggatggatt ggactggtag agggtaggt ctccgtctg gaacttgggg agctgcccgt600
 ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctcct660
 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgccgcaggc cgcgcagcgg cctcgaactg720
 60 ggaaatagac cacgggttag ggcggcatgg tggcgaagac tgccggggc aaactccagc780
 gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtggtccc ccccgctccg ccccaagtgct840
 gagtcacggc gccggccgct ttctggagg gtcccgca 877

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

ccctctctct cagcgctctc tttcctacaa ccctctctcc tcagcgcttc ttctttcttg 60
gttgcattct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt120
ccaccccca caagtactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcaagaac180
taaaggagct gctgaccgg gagctgecca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
cttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggga caacgaggtg gacttccaag300
agtactgtgt ctccctgtcc tgcattcgcca tggatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360
cagataagca gcccaggaag aaatgaaaac tcctctgtatg tgggtggggg gtctgccagc420
tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt ttttttttcc accctggctc cttcagacac480
gtgcttcatgt ctgagcaagt tcaataaaaga ttcttgaaag tttaaaaaaa aaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa

```

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

5 tggaaagcata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacaggga gcggccagga 60
 tctgctgctg gcactgcccgc tcctggcgag cccgcctac gcggccctg ccccaggcca 120
 ggcctgcag cgagtggca tcgttgggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
 gcaggtgagc ctgagagtcc acggccata ctggatgcac ttctgcgggg gctccctcat 240
 ccaccccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgcgtggga ccggacgtca aggatctggc 300
 10 cgcctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
 agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgcccaga tcggagcggga catgcctc 420
 ctggagctgg aggagccgtt gaaggtctcc agccacgtcc acacggtcac cctgccccct 480
 gcctcagaga cttccccccc gggatgccc tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
 15 aatgtgagc gcctcccacc gccatttcct ctgaagcagg tgaaggccc cataatggaa 600
 aaccacattt gtgacgcaaa ataccaccc ttggcctaca cggagacga cgtccgcata 660
 gtccgtgacg acatgctgtg tgccggAAC accccggagg actcatgcac gggcgactcc 720
 ggaggggcccc tgggtgtcaa ggtaatggc acctggctgc aggccggcggt ggtcagctgg 780
 ggcgagggt gtgcccagcc caaccggctt ggcattaca cccgtgtcac ctactacttg 840
 20 gactggatcc accactatgt cccaaaaaag ccgtgagtca ggcctgggtt ggccacctgg 900
 gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg ctgcctaccc aggtggcgac 960
 tggcccccac accttccctg ccccttcctg agtgcctt cctgtctaa gcccctgct 1020
 ctcttctgag ccccttcccc tgcctgagg acccttcccc atcctgagcc cccttccctg 1080
 tcctaaggct gacgcctgca cggccctccc ctggccaggg agctgggtgg 1140
 25 gggcgctaatt ctcctgagt gctggaccc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa 1200
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

30 (I) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 252 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

cagtacagag cggacaggg tgctgccggc acaggctga ccacagagca cataaaaga 60
 60 ggccccactg ctcaagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag 120
 catgagagag acaggcaggta caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccgagcgg 180
 cgaacaggag .tggtctcagc tgaagctcga ggcctgactg atgagacgag gcttggatg 240
 tccagagcag ac 252

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 733 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

gcgtcgacgg aggtttagac cagcctgacc aacatgtatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
aatacaaaaa aattggctgg gtgtgggtgg ggggcctgt agttccagct gctcaaggagg120
ctgaagcaca agaatcgctt gaacccagga ggtggagggt ggagttagcc aagatcaagc180
tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaaagaa ataataataa240
taagacaaaa gagacaagggt ctccaggctg gtcaactcct ggcctcaaatt gatcctccca300
cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaacatca ccatgtccag ctgtccccag360
ctttctaattc tggtctttctt cttggcccaag aacctaaga aggcatgaag ccagccccctg420
cagtggcgtc cacccggcccc tctgggcctg cctgtggctc tggccctc ctctgtggcg480
gcaggacctt tgtggggctt cgtgccctgc tctggggccc aggccccggct ggtccacatt540
cccaaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600
cttggtgact cgccccacca ccccccagccc tgcctctgcc acccctccta gtggggacta660
gtgaatgact tgacctgtga cctcaataca ataaatgtga tccccccaccc aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaaaa aaa 733

```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

10

cttctccgt tttctttttt ctctttttt tttttttta aatttgacca 60
 aaaaaaaattt attgtacaat tacccaccac tggatttgc tcagagagga cccccagagg 120
 gtgtctccat ctccctatt tatttcagc ccttgagggc ttcattgtag atcaaagcca 180
 aggcccccaag gaagggtgaca tactcctgga agttcaccc tcggccttg ttccggtcca 240
 agtcttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct 300
 tctggatcag ctcccttcagc tccttcttgc tcaggggtgtg cttgtcaccc tccctgccgg 360
 agtacttgtg gaagatggcc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catgcccattgg 420
 ctgagggctg ggcttggagc gtagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgaggggg 480
 atgggctgtg tcgcagtccg actggccta tagcggtcgg tgccccggag gccagctcgg 540
 ccaagccac cccgcccgc caagtcccgc cccgcggccca ccctgcgcgg tggcttacac 600
 aacgcacatt cgcggttac cccctcgact ttccacgcct cctgcccggg gctgtccgg 660
 gtaggacgg gatgggggag cccagcagtg cccactgcac gcctggtgac gagtctcccc 720

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2124 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

55

caaacacgcg ggtcagctga tccggccaa ctgcggcgac acccggtat aagcgcacgg 60
 cctcgccgac cctctccgac ccggccggcg ccgcctatgca gccttcgc cttctgccgc 120
 tcgcccctcg cctgctggct gcacccgcct ccgcgtcgat caggatccc ctgcacaatg 180
 tcacgtccat ccgcggacc atgtcgagg tttggggctc tgtggaggac ctgattgcca 240
 aaggccccgt ctcaaaatgc tcccaggcg tgccagccgt gaccgagggg cccattcccg 300
 aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggaa gattggcatc gggacgcccc 360
 cccagtgcct cacagtcgtc ttgcacacgg gtcctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420
 actgcaaact gctggacatc gttgtcgat tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
 gcacctacgt gaagaatggt acctcggtt acatccacta tggctcgaggc agcctctccg 540
 ggtacctgag ccaggacact gtgtcggtc cctgcccgtc agcgtcgatca gcctctgccc 600
 tggggcggtgt caaagtggag aggcaaggct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
 cttcatcgca gccaagttc gatggcatggc tggcatggc ctaccccgcc atctccgtca 720

acaacgtgct gcccgtctc gacaacctga tgcagcagaa gctgggtggac caaaaatct 780
 ttccttcta cctgagcagg gacccagatg cgtagcggg yytgagctga tgctgggtgg 840
 cacagactcc aagtattaca agggttctct gtcctacctg aatgtcaccc gcaaggccta 900
 ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgaccctgt gcaaggaggg 960
 ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccggtgg atgaggtgcg1020
 cgagotgcag aaggccatcg gggccgtgcc gctgattcag ggcgagtaca tgatcccctg1080
 tgagaaggtg tccaccctgc ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct1140
 gtccccagag gactacacgc tcaaggtgtc gcaggccggg aagaccctct gctgagcgg1200
 cttcatgggc atggacatcc cgccacccag cggccactc tggatcctgg ggcacgtctt1260
 catcgccgc tactacactg tgtttgcacg tgacaacaac aggtgggct tcgcccaggc1320
 tgcccgctc tagttccaa ggcgtcccg cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag1380
 agcaggaggg ccctggccca gggcccccctc ccacacacac ccacacactc gcccggccac1440
 tgtcctggc gcccttggaaag cggcgccggg aagccgact tgctgtttt ttctgtgggtt1500
 ttccctccc tgggttcaga aatgctgcct gcctgtctgt ctctccatct gtttgggtggg1560
 ggttagagctg atccagagca cagatctgtt tcgtgcattt gaagacccca cccaagcttg1620
 gcagccgagc tcgtgtatcc tggggctccc ttcatctcca gggagtcccc tccccggccc1680
 taccagcgcc cgctgggctg agcccttacc ccacaccagg ccgtcctccc gggccctccc1740
 ttggaaacct gccctgcctg agggcccccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc1800
 accctacctg ttcaagtgtcc cgggcccgtt gaggatgagg ccgttagagg cctgaggatg1860
 agcttggagg agttagaggg gacaaaaccc accttgggtt agcctgcagg gtggtgctgg1920
 gacttagcca gtcccagggg catgtattgg cctggaggtg gggttggat tggggctgg1980
 tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgccctcccc ttggggcggct gagagcccca2040
 gctgacatgg aaatacagtt gttggctcc gcctccctt caaaaaaaaaa aggagaaaaag2100
 aaaaaggcgg ccggcgacta gtga 2124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 928 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

cggacgggtgg ggcctgtctg gcctccctt acagtgtttt ttcggggcgc tccgctggct 60
 ttttgacaa ttgcgcctatg tttgtgtgtc ggctagcggc ggccggggcc cagtcgggtgt120
 atgccttctc ggcgcggcccg ctggccggcg gggagctgt gggctgggc tccctgcggg180
 gcaaggtaacttatacgag aatgtggcgat ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
 cccagatgaa cgagctgcag cggcgccctcg gaccccgggg cttgggtgggt ctcggcttcc300
 cgtgcaacca gtttggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
 agtacgtccg gcctgggtgt gggttcgagc ccaacttcat gctttcgag aagtgcgagg420
 tgaacggtgc gggggcgccac cctctcttcg cttccctgcg ggaggccctg ccagctccca480
 ggcacgacgc caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat caccgtgtct ccgggtgtc540

5 gcaacgatgt tgccttggAAC tttgagaagt tcctgggtggg ccctgacggt gtggccctac600
gcaggtacag ccgcgccttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
ctcaaggccc cagctgtgcc tagggcgcCc ctcctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
gctgtgtct cgggggggtt ttcatctatg agggtgtttc ctctaaacct acgaggggagg780
aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag ttcccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaaa900
aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 928

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

40 gcggcgtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca ccctgtacga ggcgggtgcgg 60
gaagtcttcgc acggaaacca gcgcaaggcg cgcaagttcc tggagacgg tggagttgc120
gatcagtttgc aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca ctttcccggc ccctaaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggaccca240
45 gcgagccaaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttgga ataatcccc ccaacat 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

agcaggaggt tttcaaccta gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacac 60
 gcaaactctt ttacttgggc tgaatattta gtgttaattac atctcagctt tgagggctcc 120
 tgtggcaaat tcccggatta aaaggttccc tgggttgaa aatacatgag ataaatcatg 180
 aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagttcct gggctggacc gttcaacag 240
 agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggcttctg ggataggccc agaagttcct 300
 gatgaccgcg acttcgagcc ctcccttaggc ccagtgtgcc cttccgcgt tcaatgccat 360
 cttcgagtgg tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
 gacacaactc tgctagacct gcaaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
 aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagtttagt 540
 cctggagcat ttacaccctt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
 aaggaattgc cagaaaaaat gccccaaaact cttcaggagc tgcgtgccc tgagaatgag 660
 atcaccaaag tgcgaaaagt tacttcaat ggactgaacc agatgattgt cataqaactg 720
 ggcaccaatc cgctgaagag ctcaggaatt gaaaatgggg cttccaggg aatgaagaag 780
 ctctcctaca tccgcattgc tgataccaat atcaccagca ttcctcaagg tcttcctcct 840
 tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
 aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagttca acagcatctc tgctgttgac 960
 aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttggacaa caacaagctt1020
 accagagtac ctggtgggct ggcagagcat aagtacatcc aggttgtcta ctttcataac1080
 aacaatatct ctgtagttgg atcaagtgac ttctgcccac ctggacacaa caccaaaaag1140
 gcttcttatt cgggtgtgag tctttcagc aacccgggtcc agtactggga gatacagcc1200
 tccacccatca gatgtgtcta cgtgcgtctt gccattcaac tcggaaacta taagtaattc1260
 tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgc taatgtcatt gctaaaaat1320
 aaataaaaagc tagatactgg aaacctaact gcaatgtgga tggatccatcc acatgactt1380
 ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaaag aaattttgc1440
 tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat1500
 attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaagc1560
 ttttcttttt taatttccag gaaaaaataa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga1620
 gcagtagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat1680
 cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta1740
 ctaatgtcat tattttgaaa aaataaattt aaaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa1800
 aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaaagg gggtgag 1837

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1346 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcgact tgaggaaacc 60
10 gcagataagt tttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
tcaataggtt actaagatat tgcttagcgt taagtttta acgtaattt aatagcttaa 180
gatttaaga gaaaatatagaa agacttagaa gagtagcatg agaaggaaa agataaaaagg 240
tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
15 aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
tttagattaa aatgaaggtg acttaaacag cttaaagttt agttaaaag tttaggtga 420
ttaaaaataat ttgaaggcga tctttaaaaa agagattaaa ccgaagtgtat taaaagacct 480
tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc atttaaagcc tagtaacgc atttactaaa 540
cgcagacgaa aatggaaaga ttaattggga gtggtagat gaaacaattt ggagaagata 600
gaagtttcaa gtggaaaact ggaagacaga agtacggaa ggcgaagaaa agaatacgaa 660
20 agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
gaaaagttagg aagcagaaga aaaaagacaa gcttaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
tacaaactta gaagaaaattt ggaagataga aacaagatag aaaaatgaaaa tattgtcaag 840
agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
aaaaatataa agccaaaaat tggataaaaat agcactgaaa aaatgagggaa attattggta 960
25 accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctgtg gtgcagaagt tagaaggtaa 1020
agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc 1080
tagaagggga agttggtaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgttaatt 1140
aaaaaaaaact aaggcagaag gctttggga gagttagaaa agaatacgaa agataggaa 1200
30 attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct gaaaagttagg 1260
ccctgcagtc ctactacagt ctggggtgaa gtcctaagag gagggtccc acetcagccc 1320
ctgtcagggt ccactggggg gggggg 1346

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

65

ggagccgcag ggcccgtagg acgccccatgg gcgcccagcc cggaaatggca tggctttgaa 60

gccccactt ccacaaggac tggcagcggc gcgtggccac gtggttcaac cggccgccc120
 gtaagatccg cagacgtaag gcccggcaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgccggccgc180
 gtgggtccc atgcgggcca tggtgcgctg ccccaaggtt tggtaccaca cgaagggtggc240
 gccggccgcg g 251

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren 10
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 15
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 20
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH 25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLEHF HLALADLLDV EGEGLWLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARN LQVLAGTHLG LLHLLLGEGL180
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren 40
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 45
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 50
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRRCQRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTTRWRLRRL LRSPAQS VSS AGPAARGRLQ 60
 EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGH RDGG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

65

- (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMIYQDEV KLPAKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCPAR240
TWRRRASRPR KTWRGGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDSDLWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENSC60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPERPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

65

5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PPGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60
VHAGFCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
PRLFSGGSPT GMGGSDSGGS QGHLEP 146

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

30 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPAGLAGARS SSHRRGFSPD 60
GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
SMQGSAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLHHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

55 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQ 60
LELKVTASPD KVTKT 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

15

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

35

VQNIRYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

40

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

60

EDVPVTFGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQLHLSE PQFPHLLPAS 60
RGRSPPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

65

- (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RPRPWFSQQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRGCGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPA 60
REGKVPGCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSGRGRD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLERVL180
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

0
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRRL CGQLGQPPVR 60
REAAASVGRRP GTRQRGEGR LRPFPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTLP FOPPPFPFRS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

55 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQP GTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
 QLPAQPRLV A KLG ETR RTD GG SWGP AA TP LR WAEN QGLG RH PPRAFL LT TG PKSGSMQG 120
 SAWASTPAGP PD PRAKAVGG TK PRATRGHL HH PLGQGWLR GT LVSPEDTG GL 172

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

15

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

35

IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRYHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

40

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHFCPS LGNTFRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLSSAY 60
 CYTIRLFLLS LIVCNA 76

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

65

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

- 5 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

20 QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK

45

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- 25 (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

45 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRLP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEP GSARAYS120
NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAYVE DRPPGSVVPT180
SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFDQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLSA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
50 SAELLCCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNHVVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPGRL360
WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420
KLLLYRVVDN EGTLQLKRSF PIEQSSH PVR RSSVPSCPSA RGPAW 465

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- 55 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCTTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGT SSTCWSKT 218

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

35

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVSQIF 129

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

45

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

~~A PROLTCRPR PPPGGAWAAP QSHSSTIYLC KALSAVLGGG WVGRGLGQA LSSLSIWVGQ 60~~

EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCEFNQG GASGFQHNR SLPCPGMMPHH TQVSSFALRS120

65

LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT

152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 5 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFFLFFF VLRLKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
 TQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPQPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
 LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
 SPQPGRGNLL ANPQRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- 35 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFLAGM QMYSRQLAST 60
 EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
 VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- 60 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

10

WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60
 LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
 QSSHQPRSQA RARRETDP EC SIKLILCKKK KKKK 154

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

FFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
 DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
 LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
 ASAL 184

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

45

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

65

SNQRTIRKGS LSLLDTGPQR GKSDLPKVVS KLLAWQEPEF LTERNISPLH CASSSACPLT60
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 10 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- 35 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSILKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 60 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNNDWNKTAII LTFEVLFKVW IPLAIFCFPP LTLNFSNILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60
CQKAKEMLPV FSVLVLLTYS I 81

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENNLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDLP ALLDTSAEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLKFGYH 100

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 5 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 ERFLTTCDGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
 PCRNNGGSCVQ PGRCRCPAGW RGDTQSDVD ECSARRGGCP QRCVNNTAGSY WCQCWEHGSL120
 SADGTLCVPK GGPPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
 EHGLPDPGSL LVHSFQQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- 35 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

55 GPTWPWDAGV VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGF 60
 WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAELLEGV120
 HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGHPGG180
 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 60 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

VQLAFVGQKS RLGSAGHDG GGYGHLAGAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGR 60
AWFG 64

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFLAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL 60
LGSG 64

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ QEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ 60
TRA 64

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- 5 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- 30 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- 55 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNV YSSGHMMHTG TEL

43

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKTM QALEKAYIKD 60
 CVSPSEYTAACSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPITIK120
 DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLIEIPR HG

152

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

RQCKPWRRPT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLPGRSRA QKSALLNSA ASSAWTARWP 60
 WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SR SWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
 MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA

170

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

65

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHDRD EERDHVCDAA VEVALVVLDG DGPVLLDPLH GQRAVQAEI120
AEFVNRADE 129

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETICALS

(vi) HERKUNFT:

HERRNIN 1: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

RAGGGGGQYC ERGEAAAQGE PQHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
 RHAAAGQQVQ GPGAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
 PTYNRIIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALEDGHD180
 TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETYK QGFGNIDGEY240
 WLGLENIYWL TNQGNYKLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYYKLRL GRYHGNAGDS300
 FTWHNGKQFT TLDRDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHSN LNGWYRGHH YRSRYQDGVY360
 WAEFRGGSYS LKKVVMMIRP NPNTFH 386

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 **THE HYPOTHETICAL**

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
 ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
 PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
 RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
 LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSL300
 YLLASCSMSA VWFRILESSW ESSNALSRM MISCRSCM 338

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

SKTGEERSE REGKPEIEGK PESEGEPEGSE TRAAGKRPAE DDVPRKAKRK TNKGLAHYLN 60
 EYKEAIHDMN FSNEDMIREF DNMAKVQDEK RKSQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
 GGCRAPRRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

ISLHPQKRPQ FLFAFSLLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSEG60
FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 10 (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

30 QDGGRQQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
 VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLLKKPLRVD120
 LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRRAQ ARLLNPSATR180
 AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
 VAPAGASYNP SFEDHQTLLS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
 35 RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 40 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

60 WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLISRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
 AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VSLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
 GGPQRGLLLYP QPVHSILLPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
 SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCRKLRQA240
 PPPRRRAPGTA WCAGVIAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRI AALRCPGARA300
 WPLLQKG 307

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFGVA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQGKATQ 60
 VVWAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60
 GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQRVTC PTEYPCRHPE KVAGKCCKIC120
 PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCAV LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

PVPPSTPAVT PRKWLGSaar FAQRTKQTLA TVRSVLPGVp RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPPLAEAG KRNLPPLSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDPGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- 20 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALEELSFFL MSSDAASFLI FLKTVFCGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGKAR LLQGPRV 117

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

70 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

75 STIIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQQLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPMMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

80 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

20

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTP NSPRMTRRHs HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

25

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq.ID. No. 1–20.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq.ID. No. 1–20, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq.ID. No. 1–62, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq.ID. No. 1–62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 198 17 946 A 1

- zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 1-62 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. ORF 63-117.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 10 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 63-117, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 15 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1-20 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.
- 20 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz. Seq. ID. No. 63-117.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den DNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
- 30 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

35

40

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Iricyte LifeSeq Datenbank

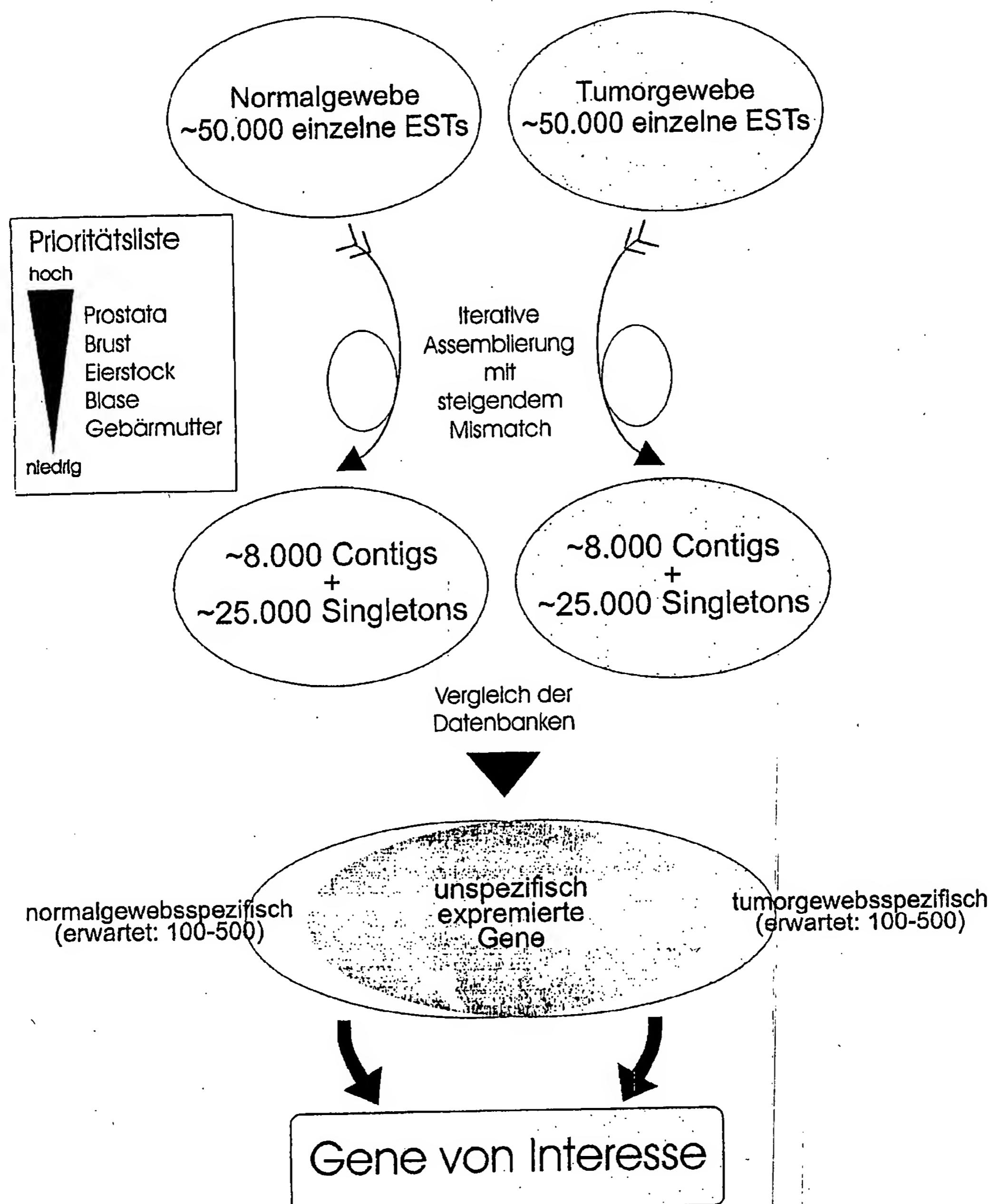


Fig. 1

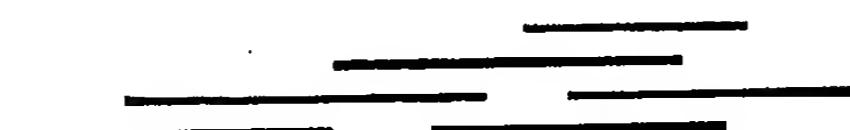
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

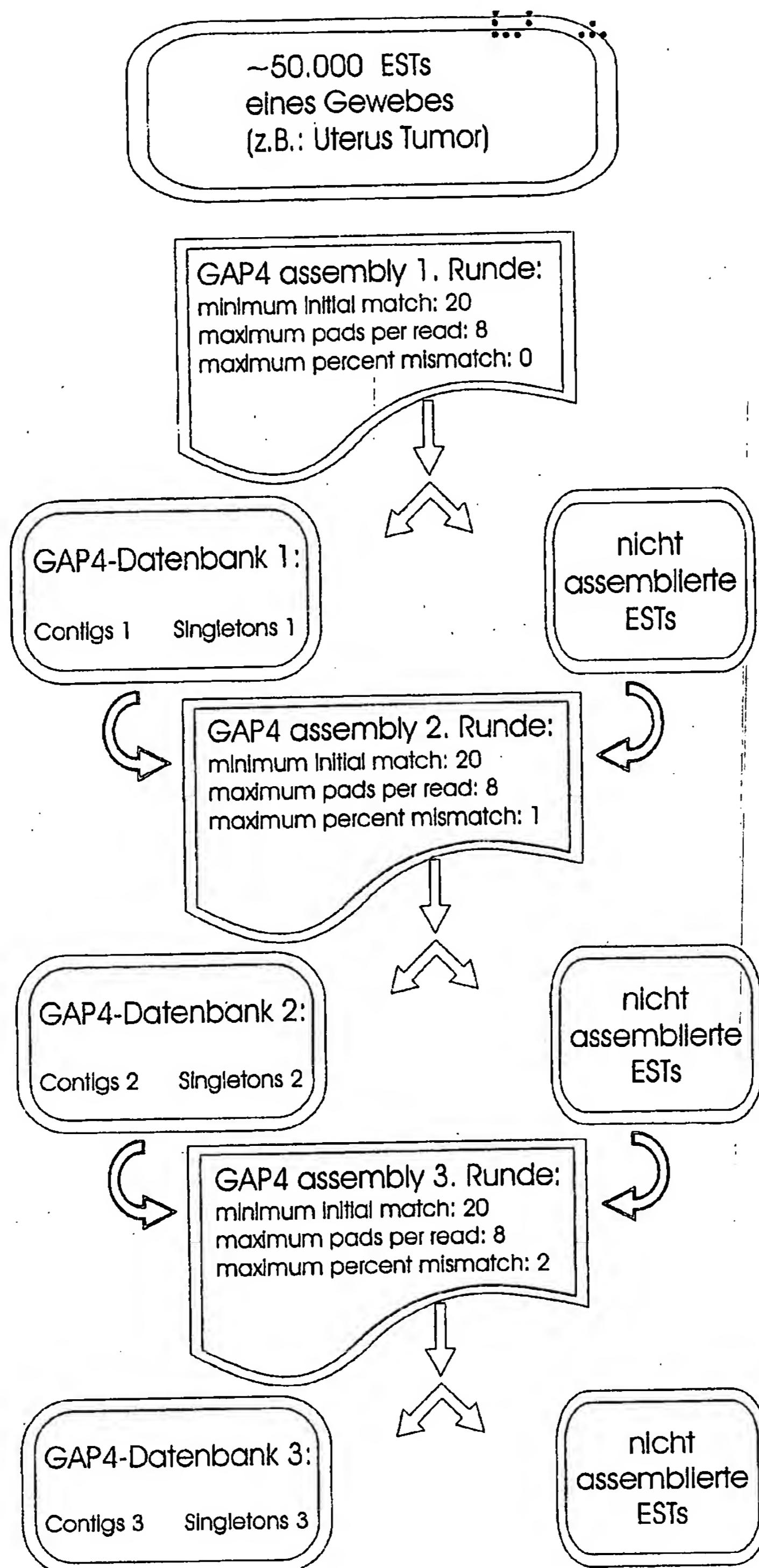


Fig. 2b1

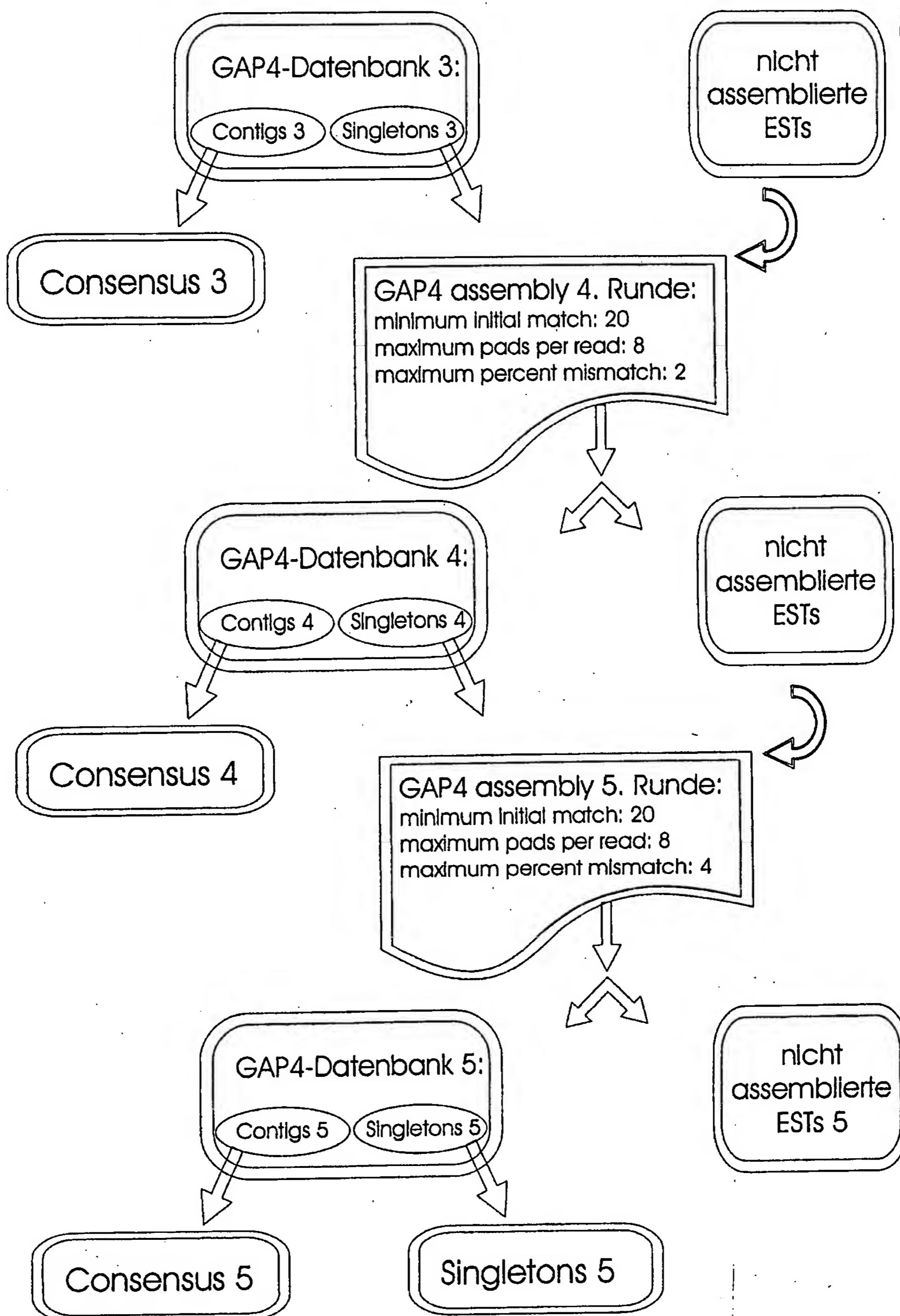


Fig. 2b2

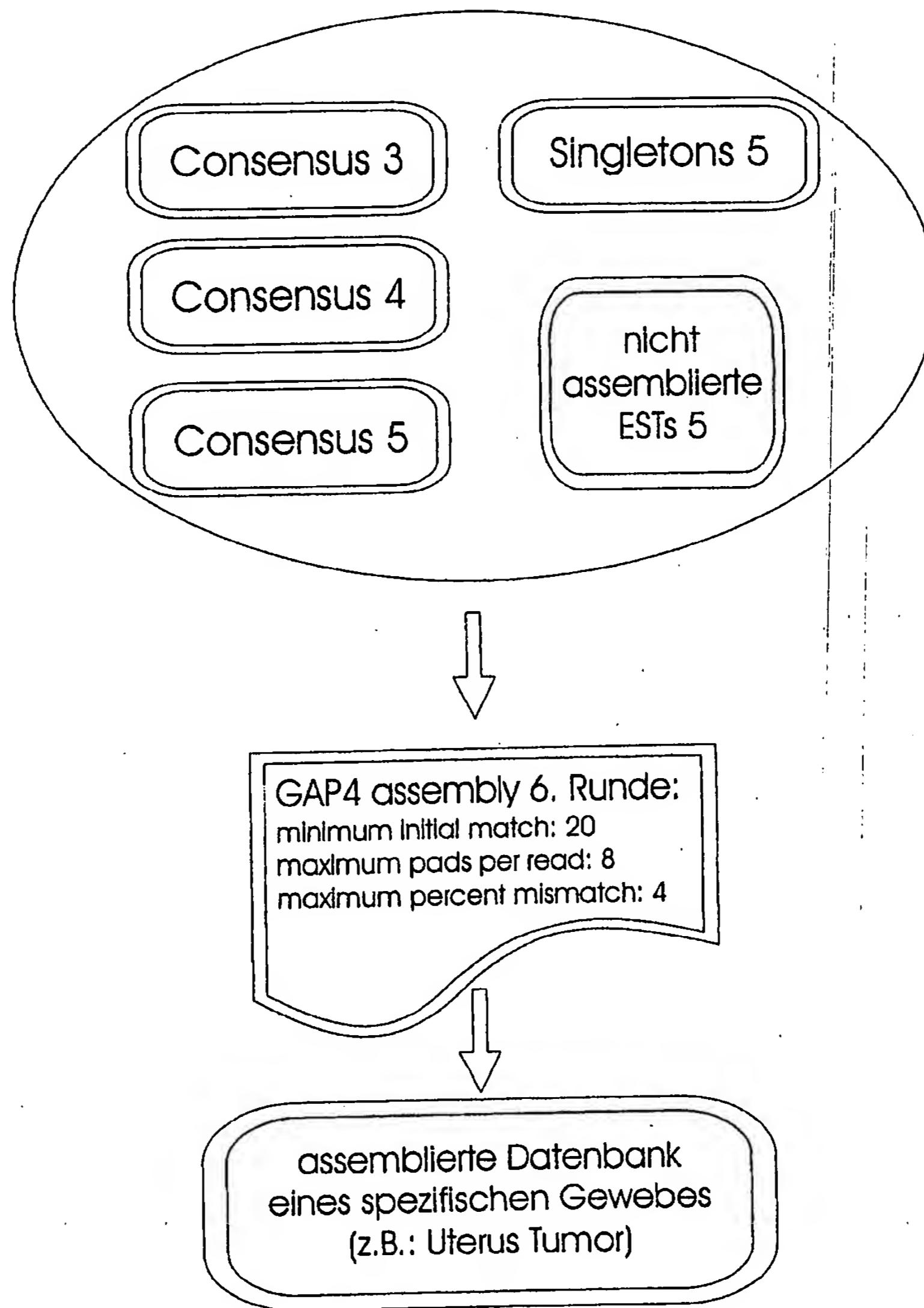


Fig. 2b3

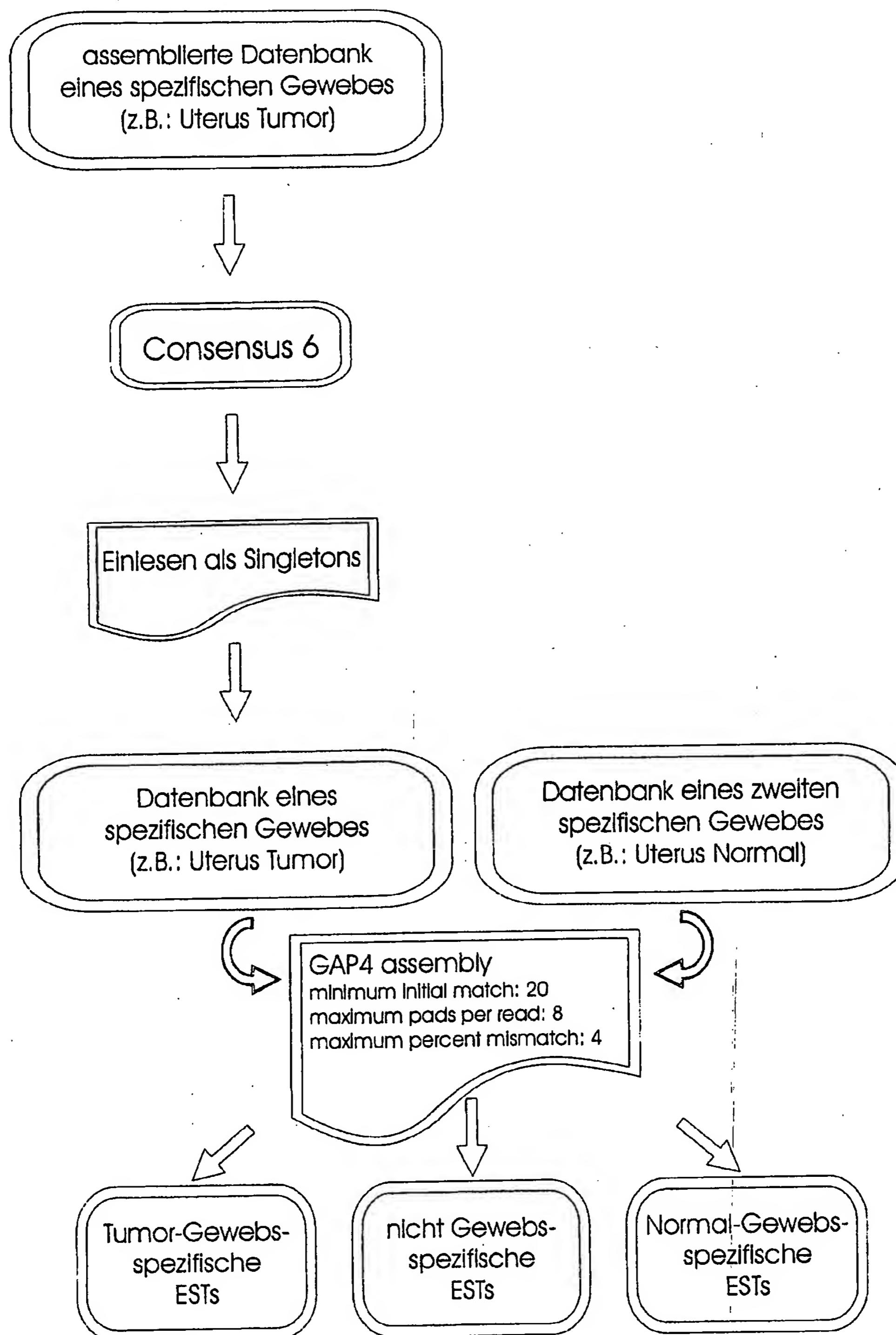
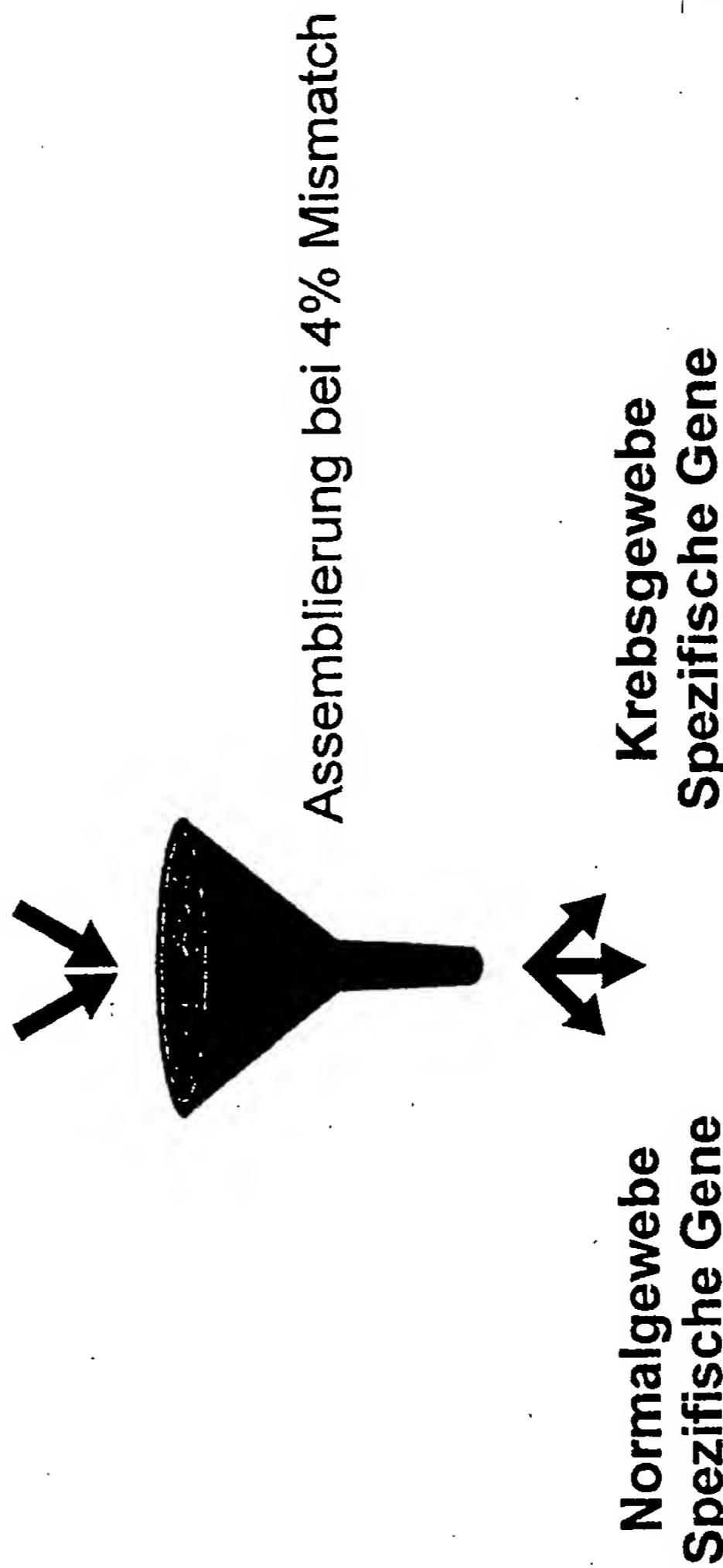


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

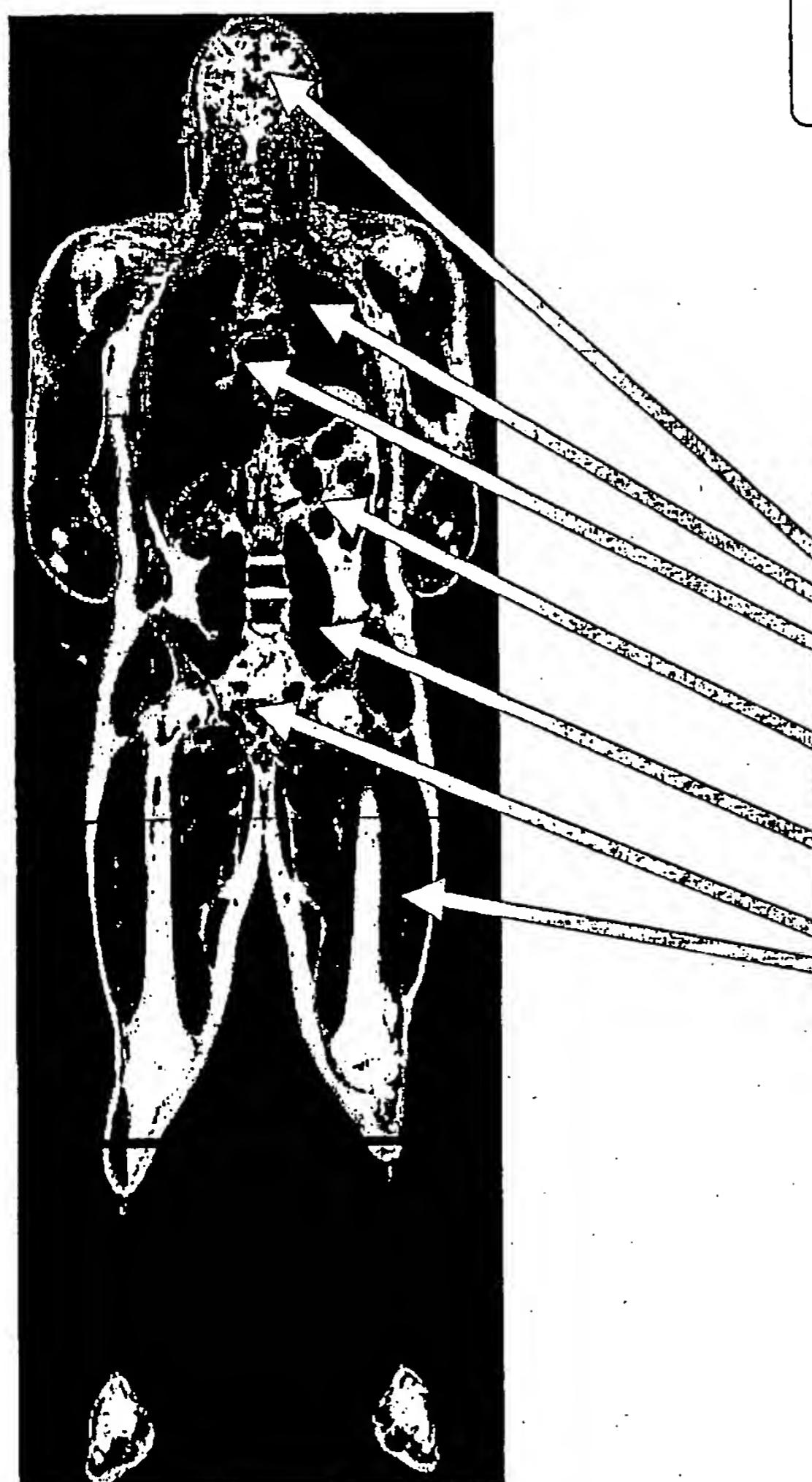
-30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

-30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



In beiden Geweben
expressierte Gene

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

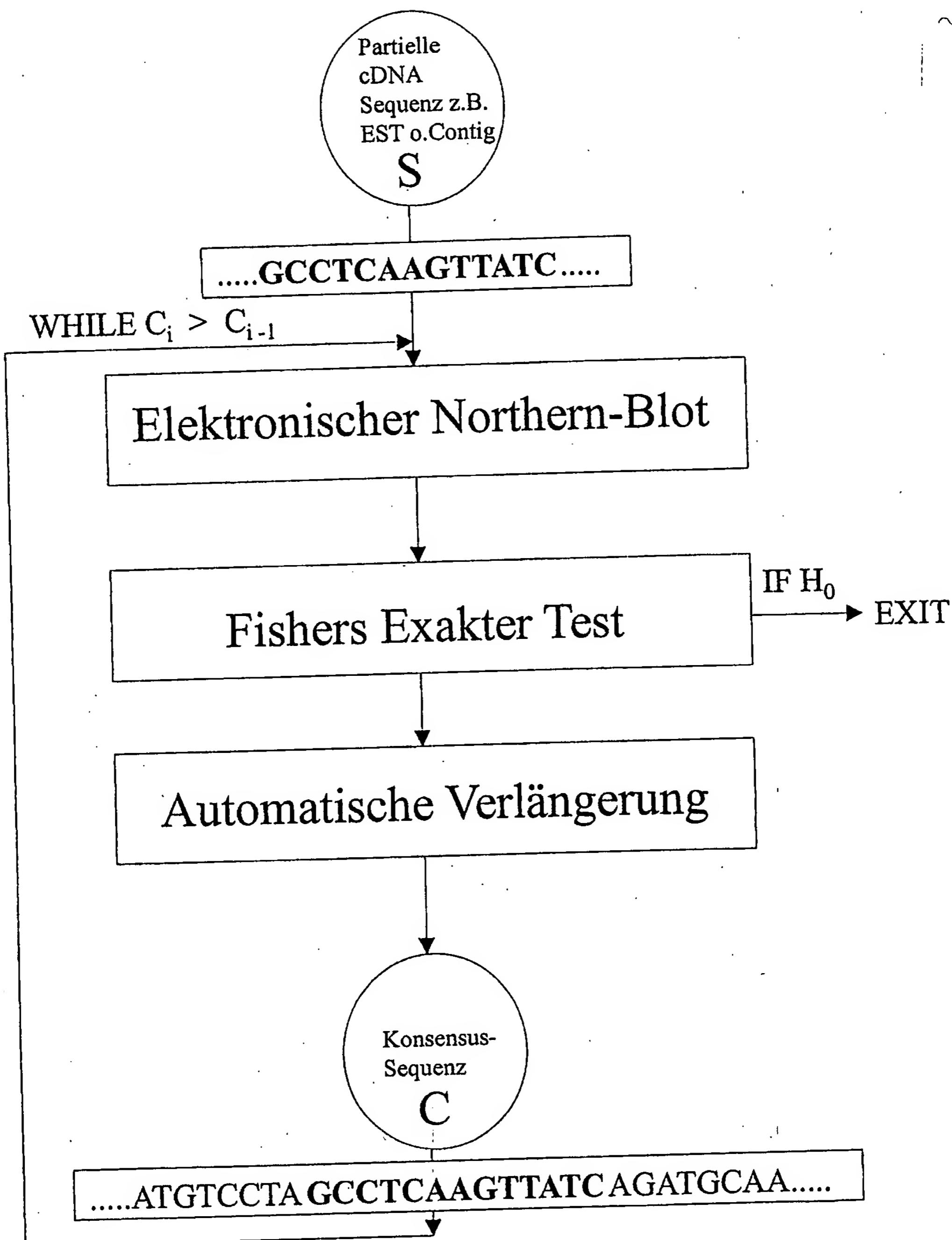


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:**

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.
As rescanning these documents will not correct the image
problems checked, please do not report these problems to
the IFW Image Problem Mailbox.**